

Revisión de tema

Differences between SARS-CoV-2 and Avian Infectious Bronchitis (IBV) coronavirus*Diferencias entre el SARS-CoV-2 y el coronavirus de la Bronquitis Infecciosa Aviar (IBV)**Diferenças entre o coronavírus SARS-CoV-2 e Bronquite Infecciosa Aviária (IBV)*Sebastián Iglesias-Osores ^{1*}, Biólogo  [ORCID](#); Johnny Leandro Saavedra-Camacho ², Biólogo**Fecha correspondencia:**

Recibido: 25 de mayo de 2020.

Aceptado: 5 de abril de 2021.

Forma de citar:

Iglesias-Osores S, Saavedra-Camacho JL. Diferencias entre el SARS-CoV-2 y el coronavirus de la Bronquitis Infecciosa Aviar (IBV). CES Med. Zootec, 2020; Vol 16 (1): 47-58.

[Open access](#)[© Copyright](#)[Creative commons](#)[Éthics of publications](#)[Peer review](#)[Open Journal System](#)DOI: [http://dx.doi.org/10.21615/](http://dx.doi.org/10.21615/cesmvz.16.1.3)[cesmvz.16.1.3](#)

ISSN 1900-9607

Filiación:

* Autor correspondente: Sebastián Iglesias-Osores. Correo electrónico: siglesias@unprg.edu.pe.

Comparte

**Abstract**

The new coronavirus 2019 disease (COVID-19) is caused by the virus called SARS-CoV-2, however, in free-range chicken's coronaviruses cause Avian Infectious Bronchitis. Currently, it has been possible to analyze the genomic sequence of the SARS-CoV-2 virus, which indicates that it emerged from an animal reservoir, it has even been considered that a virus isolated from a bat, identical to SARS-CoV, is the parent of the new coronavirus. In other studies, it has been shown that the glycoprotein of the viral spicule has a high degree of relationship between viruses that infect mammals and birds, which is the one that allows contact with the host. Whereas in the case of IBV, when inhaled, the virus will bind to sialic acid-containing glycoprotein receptors in hair epithelial cells of respiratory tissue, then viral replication will result in loss of ciliary function, mucus clearance, necrosis, and peeling, causing shortness of breath and suffocation. IBV affects the trachea, kidneys, and reproductive tract of many birds. In chickens, viremic IBV causes lesions in the magnum and the uterus. This review elucidates some key points in the differences between the novel coronavirus and the infectious bronchitis virus. SARS-CoV-2 is highly unlikely to infect or cause disease in poultry.

Keywords: *avian infectious bronchitis, coronavirus, SARS-CoV-2.***Resumen**

La enfermedad por el nuevo coronavirus 2019 (COVID-19) es causada por el virus denominado SARS-CoV-2, no obstante, en los pollos de corral los coronavirus causan Bronquitis Infecciosa Aviar. En la actualidad, se ha logrado analizar la secuencia genómica del virus SARS-CoV-2, el cual indica que éste emergió de un reservorio animal, incluso se ha considerado que un virus aislado de un murciélago, idéntico a SARS-CoV, sea el progenitor del nuevo coronavirus. En otros estudios, se ha evidenciado que la glicoproteína de la espícula viral tiene un alto grado de emparentamiento entre virus que infectan mamíferos y aves, que es la que permite el contacto con el huésped. Mientras que en el caso del IBV, al inhalarse, el virus se ligará

1. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Calle Juan XXIII, Lambayeque, Perú.

2. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, Calle Juan XXIII, Lambayeque, Perú.

a los receptores de glucoproteína que contienen ácido siálico en las células epiteliales ciliadas del tejido respiratorio, entonces la replicación viral dará como resultado la pérdida de la función ciliar, acopiamiento de moco, necrosis y descamación, provocando dificultad para respirar y asfixia. El IBV afecta tráquea, riñones y tracto reproductivo de muchas aves. En el caso de las gallinas, el IBV virémico causa lesiones en el magnum y en el útero. Esta revisión dilucida algunos puntos clave en las diferencias en el nuevo coronavirus y el virus de la bronquitis infecciosa. Es muy poco probable que SARS-CoV-2 infecte o cause enfermedades en las aves de corral.

Palabras clave: *bronquitis infecciosa aviar, coronavirus, SARS-CoV-2.*

Resumo

A nova doença coronavírus 2019 (COVID-19) é causada pelo vírus denominado SARS-CoV-2, no entanto, em galinhas caipiras, os coronavírus causam bronquite infecciosa aviária. Atualmente, foi possível analisar a sequência genômica do vírus SARS-CoV-2, o que indica que ele emergiu de um reservatório animal, inclusive se considerou que um vírus isolado de um morcego, idêntico ao SARS-CoV, é o progenitor do novo coronavírus. Em outros estudos, foi demonstrado que a glicoproteína da espícula viral possui alto grau de parentesco entre os vírus que infectam mamíferos e aves, o que permite o contato com o hospedeiro. Enquanto no caso do IBV, quando inalado, o vírus se liga aos receptores de glicoproteína contendo ácido siálico nas células epiteliais ciliadas do tecido respiratório, a replicação viral resultará em perda da função ciliar, acúmulo de muco, necrose e descamação, causando falta de ar e sufocação. O IBV afeta a traqueia, os rins e o trato reproductivo de muitas aves. No caso das galinhas, o IBV virémico causa lesões no magno e no útero. Esta revisão elucida alguns pontos-chave nas diferenças entre o novo coronavírus e o vírus da bronquite infecciosa. É altamente improvável que o SARS-CoV-2 infecte ou cause doenças em aves.

Palabras clave: *bronquite infecciosa aviária, coronavirus, SARS-CoV-2.*

Introducción

Las pandemias usualmente son causadas por microorganismos zoonóticos, ya sea por el consumo de animales o la crianza de los mismos y son causadas en mayor frecuencia por un grupo de virus llamados coronavirus (CoV) que causan principalmente infecciones en aves y mamíferos¹. En las últimas décadas, su capacidad de infectar a los humanos,^{2,3} como es el caso del Síndrome Respiratorio Agudo Grave (SARG) o Síndrome Respiratorio de Oriente Medio (MERS)⁴ ha tomado gran relevancia. Los coronavirus causantes de SARS y MERS además de afectar a los humanos también causan enfermedades en mamíferos (ballenas, felinos, etc.), así como en las aves (incluidas las aves de corral^{5,6} como los pollos de engorde y los pavos)^{5,6} que son de importancia económica y consumo global. Recientemente, en el año 2019, causaron una nueva epidemia llamada nuevo coronavirus 2019, se cree que comenzó en un mercado ubicado en Wuhan, China, diseminándose en todo el continente asiático y posteriormente a más de 180 países en el mundo, causando una pandemia⁷.

La COVID-19 es causada por un virus llamado SARS-CoV-2⁸, mientras que en los pollos de corral los coronavirus causan Bronquitis Infecciosa Aviar⁹. Los coronavirus están diseminados por el planeta y son sumamente infecciosos además de ser sumamente difíciles de controlar porque poseen características como: elevada diversidad genética en grandes extensiones territoriales, tiempo corto de multiplicación y una corta tasa

de mutación (Figura 1) ¹⁰. Los coronavirus pueden ocasionar enfermedades en el tracto respiratorio en su mayoría, en el tracto gastroentérico y en algunos casos enfermedad en hígado y en sistema nervioso de una extensa variedad de animales y humanos ¹¹. Los coronavirus asociados a los animales causan infecciones que cubren una amplia gama de sitios diana que incluyen respiratoria, entérica, neurológica, renal y hepática ¹¹⁻¹³. Algunos de los coronavirus que infectan animales no humanos como a las aves están ubicados en el grupo *Gammacoronavirus*, como lo es el IBV no infectan ni causan enfermedades en humanos ¹⁴. El SARS-CoV-2 pertenece al grupo *Betacoronavirus* junto con SARS-CoV y MERS-CoV ¹⁵. Debido a que el virus causante de COVID-19 pertenece al mismo grupo de coronavirus que el SARS-CoV y usa el mismo receptor de células huésped ACE-2 ¹⁶⁻¹⁸, en cambio IBV ingresa principalmente de la endocitosis mediada por clatrina y requiere un sistema endosómico / lisosómico clásico ¹⁹.

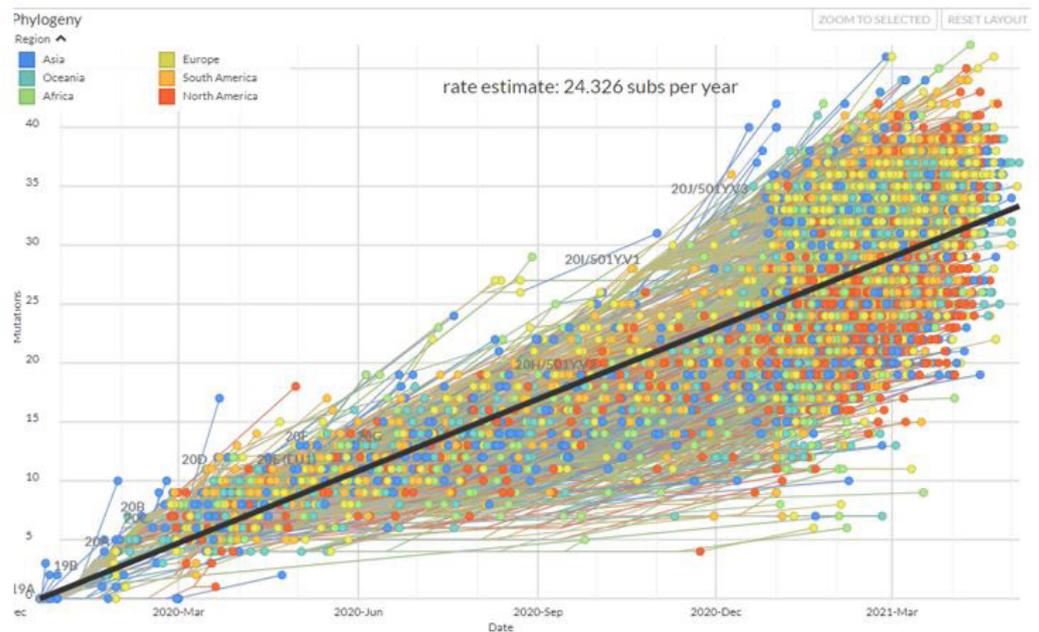


Figura 1. Árbol filogenético epidemiológico del nuevo coronavirus 2019. Adaptado de ²⁰.

La bronquitis infecciosa (IB), causada por el IBV, es uno de los patógenos más contagiosos y contagiosos de los pollos en todo el mundo ²¹. IBV tiene un rango de hospedadores limitado ²² ya que algunos virus están estrechamente relacionados solo con las aves silvestres y domésticas como faisanes, patos, gansos, entre otros. Antes se creía que solamente los pollos eran el único huésped natural, sin embargo, también se ha demostrado que los faisanes son susceptibles a la infección por IBV ²³. Esto nos hace pensar en si las aves son posibles reservorios del SARS-CoV-2 y poder transmitirlo a los humanos, en las últimas semanas se ha escuchado el miedo de parte de población en el consumo de carne de pollo, esta revisión dilucida algunos puntos clave en las diferencias en el SARS CoV-2 y el IBV.

Orígenes SARS-CoV-2 y del IBV

Al analizar la secuencia genómica de SARS-CoV-2 señala que éste surgió de un hospedero animal (murciélago o pangolín) ^{16,24}. Los aislamientos virales provenientes de una variedad de animales en los alrededores de la provincia de Cantón, reportaron que SARS-CoV-2 tiene semejanzas con diferentes tipos de coronavirus, incluyendo

coronavirus aviares y virus idénticos a SARS-CoV²⁵ procedentes distintos mamíferos (Figura 2) encontrados en diferentes mercados²⁶. Se cree que un virus semejante al SARS-CoV aislado de un murciélago es el progenitor del SARS-CoV-2 ya que no existen secuencias de los coronavirus de este animal, lo cual ha impedido elucidar el origen real del SARS-CoV-2¹⁶. Se ha comprobado que la glicoproteína de la espícula viral tiene un alto grado de emparentamiento entre virus que infectan mamíferos y aves ya que es la encargada del contacto con el hospedero²⁵. Según análisis filogenéticos, se ha supuesto que el SARS-CoV-2 se desintegró del grupo 2 de coronavirus modernos, sugiriendo que evolucionó rápidamente (Figura 2)²⁷.

Es probable que el virus COVID-19 se originara en los murciélagos¹⁶. Los murciélagos son ampliamente aceptados como el reservorio de los coronavirus de los mamíferos (Alfa y Beta)²⁸. Hay más de mil especies diferentes de murciélagos que albergan diferentes de coronavirus²⁹. Los coronavirus que infectan humanos debido a su alta variabilidad genética provienen de un reservorio de murciélagos, que infectaron a un huésped intermedio y luego al huésped final⁸. Datos epidemiológicos moleculares muestran un emparentamiento cercano entre el coronavirus que infecta a los humanos y el de los murciélagos²³.

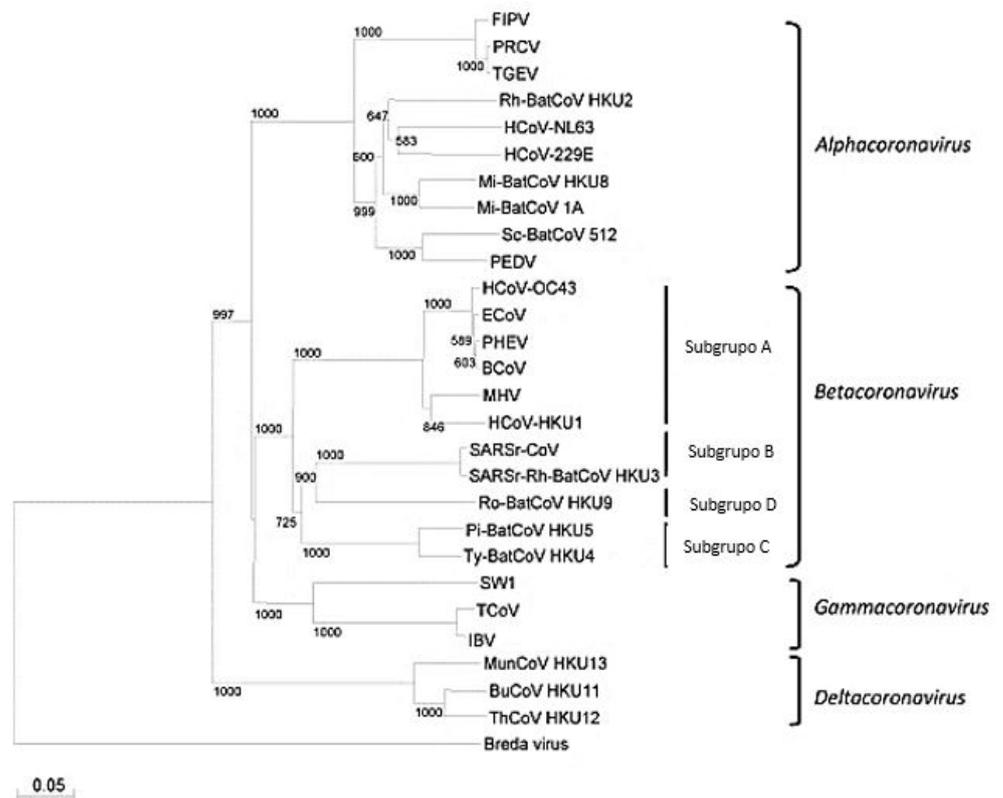


Figura 2. Análisis filogenético de ARN polimerasas (Pol) dependientes de ARN de coronavirus con secuencias completas del genoma disponibles. Adaptado de³⁰.

El IBV tiene tres proteínas estructurales codificadas por virus principales, que incluyen la glicoproteína de la espiga (S) (Figura 3), de la membrana (M) y de la nucleocápside (N). El pico de IBV se forma mediante la escisión postraduccional de dos componentes de polipéptidos separados, designados S1 y S2⁹. De estos, la glucoproteína S1 está

asociada con la unión del virus y es un objetivo principal de los anticuerpos neutralizantes en pollos, por lo que la evolución serotípica en el VBI se asocia principalmente con las secuencias de la glucoproteína S1 ^{31,32}. Por lo tanto, la caracterización molecular de IBV se basa principalmente en el análisis del gen S1 ^{33,34}. El coronavirus del pollo llamado también bronquitis infecciosa (IBV), se replica en el epitelio del tracto respiratorio superior e inferior y a lo largo del tracto digestivo así como también en el riñón, oviducto y testículos ²¹. Cada vez hay más pruebas de que el IBV puede infectar especies de aves distintas al pollo ³⁵. Probablemente, la razón principal del alto perfil de IBV es la existencia de una gran cantidad de serotipos ²¹.

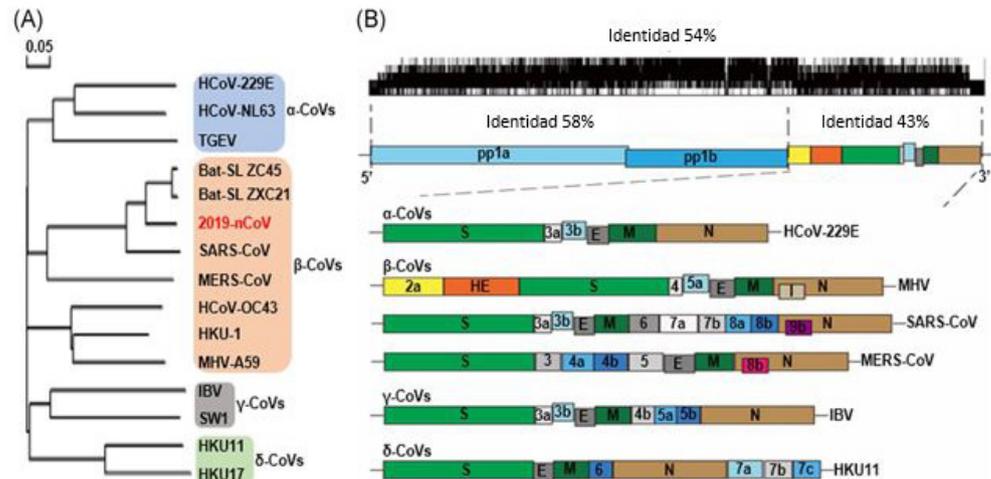


Figura 3. Estructura genómica y el árbol filogenético de los coronavirus. Adaptado de³⁶

Patogénesis de SARS-CoV-2 y del IBV

Los virus causantes de SARS y MERS pueden infectar el tracto respiratorio inferior y causar un síndrome respiratorio grave en humanos ^{37,38}. Algunos CoV pueden infectar ganado, aves, murciélagos, ratones, ballenas y muchos otros animales salvajes, y pueden causar grandes pérdidas económica ^{39,40}. El nuevo CoV, 2019 - nCoV, que pertenece a los betacoronavirus basados en el análisis de secuencia, también puede infectar el tracto respiratorio inferior y causar neumonía en humanos, pero parece que los síntomas son más leves que el SARS y el MERS ¹⁵.

En el caso del IBV, al inhalarse, el virus se ligará a los receptores de glucoproteína que contienen ácido siálico en las células epitelio respiratorio ⁴¹. El dominio de unión al receptor de IBV (RBD) en la espiga S1 desempeña un papel importante en el acoplamiento del virus a las células ^{41,42}. Por lo tanto, la variación en la glucoproteína S1 determina en parte el tropismo tisular y la virulencia ⁴³. La replicación viral dará como resultado la pérdida de la función ciliar, acoplamiento de moco, necrosis y descamación, causando impedimento para respirar y asfixia ⁴⁴. El IBV afecta la tráquea, los riñones y el tracto reproductivo a través de la interacción de las glucoproteínas S1 RBD (AA 19-69 en M41) con los receptores de ácido α -2,3-sialico en la superficie de las células ^{45,46}. La replicación local del virus causará viremia y extenderá la infección a otros tejidos y órganos ⁴⁴. Después de la unión viral, los cambios conformacionales que ocurren en la glucoproteína S1 median la actividad de fusión de la membrana del terminal de ácido carboxílico S2 de la glicoproteína espiga ²¹.

Posteriormente, el IBV ingresa a la célula y libera su nucleocápside en el citoplasma de la célula, lo que desencadena la replicación, la aparición de virus y la liberación ⁴⁷. Los pollos de todas las edades y tipos de razas son susceptibles a la infección por IBV, pero el alcance y la gravedad de la enfermedad es pronunciada en pollos jóvenes, en comparación con los adultos ⁴⁸. Por causa de la viremia, algunas cepas nefrotropicas podrían afectar el epitelio renal, causando insuficiencia renal ⁴⁹. En la evaluación general, los riñones pueden aparecer inflamados y pálidos con la presencia de uratos en los uréteres ⁴⁴. En las gallinas, el IBV virémico también alcanzará el conducto ovárico, causando lesiones en el útero ⁴⁴.

Probabilidad de que el COVID-19 cause enfermedades en aves de corral

En los análisis filogenéticos se indican que SARS-CoV-2 pertenece al mismo género de betacoronavirus que los virus causantes de SARS y MERS, sin embargo, SARS-CoV-2 tiene una mayor similitud de secuencia del genoma con varios beta coronavirus detectados en murciélagos ya que muestra más del 96% de identidad con un coronavirus de murciélago conocido, en comparación con el 79,5% de identidad con el virus causante de SARS ^{16,50} lo que indica claramente lo distintos que son los coronavirus que ocasionaron grandes brotes, por lo cual suponemos que las características clínicas serán también diferentes en algunos casos. A medida que hay más datos disponibles, también se revelan características de casos adicionales. Es evidente que el resultado de la neumonía por SARS-CoV-2 es enormemente destructivo, a pesar de tener una tasa de mortalidad inferior al 3 % (según los datos hasta el 8 de febrero de 2020 en China) ⁵¹ en comparación con el SARS-CoV (tasa de mortalidad del 9,6 %) y el MERS-CoV (tasa de mortalidad de 9,6 % y 34 %) ⁵². Sin embargo, la propagación de la infección por SARS-CoV-2 es mucho más amplia que el SARS-CoV o MERS-CoV e involucra un mayor número de pacientes, además de que el tiempo medio estimado de incubación por SARS-CoV-2 hasta hace dos meses en Wuhan fue de 5,2 días ⁵³, en comparación con el SARS-CoV (tiempo medio de incubación 4 días) ⁵⁴ y MERS-CoV (rango de tiempo de incubación entre 4,5 y 5,2 días) ⁵⁵, por lo tanto, observando la pandemia actual, podemos decir que un tiempo de incubación más prolongado puede conducir a una alta tasa de infección asintomática y subclínica entre individuos inmunocompetentes, lo cual podría explicar el gran aumento de número de casos confirmados del reciente brote por COVID-19.

El IBV, en cambio, pertenece al género *Gammacoronavirus*, el cual no ha reportado brotes en humanos sino en aves de corral. Los pollos de toda la edad son susceptibles a la infección por IBV, induciendo una enfermedad más grave en los pollos recién nacidos y la gravedad disminuye a medida que aumenta la edad. La infección por IBV también se registró en pavos reales y también en aves no galliformes, por ejemplo, la cerceta ⁵⁶, en cuanto al período de incubación del IBV es muy corto comparado con SARS-CoV-2, que es de 18 a 36 horas y depende de la dosis de infección del virus, y los signos clínicos van apareciendo dentro de las 24 y 48 horas de la exposición al virus ⁵⁷. El SARS-CoV se originó a partir de murciélagos de la familia *Hipposideridae*, aunque esto es dudoso ya que los estos animales estaban en hibernación mientras se desarrollaba el brote ⁵⁸, utilizan a los mamíferos denominados como civeta de palmeras, muy comunes en los países como China y Tailandia, como huéspedes intermediarios ⁵⁹ y además se encontró este virus en distintas muestras de hurones, frecuentemente hallados en América del Norte y Asia ⁶⁰, conociéndose al menos las especies que contienen al virus por un determinado tiempo para después infectar al humano. Se ha evidenciado que otras vías para la propagación del virus las cuales

son estrechar la mano a una persona infectada, tocar un objeto o superficie infectada, tocar la nariz o la boca con frecuencia o entrar en contacto con la excreta del paciente y otra vía es a través de la "transmisión oculta", en la cual los individuos o portadores asintomáticos transmiten el virus a contactos desprevenidos sin saberlo ⁶¹; aunque estas vías son menos comunes que el de transmisión por gotitas, le dan al virus una capacidad mayor de propagación. Las similitudes de la secuencia del receptor que se une a SARS-CoV-2 entre humanos y animales sugieren una baja barrera de especies para la transmisión del virus a los animales de granja ⁵⁸ lo cual es muy importante para que los médicos veterinarios tomen acciones preventivas y hagan una correcta vigilancia no solo en animales de granja o domésticos sino también silvestres. En un estudio se observó que la variación genómica de los virus conocidos de la especie coronavirus relacionados con el síndrome respiratorio agudo es menor en comparación con la de otras especies comparativamente bien muestreadas, por ejemplo, aquellas prototipadas por MERS-CoV e IBV ⁶², lo que indica que genéticamente ambos virus están alejados. Otra diferencia entre ambos es el sitio de acción ya que en los nuevos coronavirus causantes de COVID-19 es la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) netamente de humanos ⁶³, mientras que el sitio diana para el IBV son los receptores tipo toll 3 (TLR3) y (TLR21) de células innatas inmunes de pollos ⁶⁴, lo cual demuestra claramente que el IBV no podría causar infecciones en humanos.

Conclusiones

El virus de COVID-19 se transmite principalmente entre las personas a través de gotitas respiratorias que contienen el virus, y las infecciones se producen por la nariz, los ojos y la boca. Es muy poco probable que el virus de COVID-19 infecte o cause enfermedades en las aves de corral ⁶⁵. Se debe prestar atención a los coronavirus debido a que mutan de manera muy rápida y sus abundantes recombinaciones genéticas, semejantes a una tasa similar a la de los virus de influenza. No es sorprendente que el cambio de hospedero y la zoonosis que conlleva a enfermedades epidémicas hayan sucedido entre coronavirus ^{66,67}. Es probable que el nuevo coronavirus todavía esté circulando en reservorios animales silvestres ya que estos tienen el potencial de emerger muy rápido y provocar una nueva epidemia, sobre todo por los hábitos de consumo humano y sus interrelaciones con la naturaleza. Es por ello por lo que no solo profesionales biólogos o médicos deben ocuparse de este tipo de casos, sino también los médicos veterinarios que poseen la capacidad investigadora en relación a infecciones en animales de granja y silvestres. En cuanto a la infección de COVID-19 en pollos sería casi improbable debido a más que todo a la incompatibilidad de los receptores de células que no reconocerían al mismo tipo de virus.

Referencias

1. Morse SS, Mazet JAK, Woolhouse M, *et al.* Prediction and prevention of the next pandemic zoonosis. *Lancet*. 2012;380(9857):1956–1965. doi: 10.1016/S0140-6736(12)61684-5
2. Schoeman D, Fielding BC. Coronavirus envelope protein: Current knowledge. *Virology*. 2019;16(1). doi:10.1186/s12985-019-1182-0
3. Lee PI, Hsueh PR. Emerging threats from zoonotic coronaviruses—from SARS and MERS to 2019-nCoV. *J Microbiol Immunol Infect*. Published online 2020. doi:10.1016/j.jmii.2020.02.001

4. Fong IW, Fong IW. Emerging Animal Coronaviruses: First SARS and Now MERS. En: *Emerging Zoonoses*. Springer International Publishing; 2017:63–80. doi:10.1007/978-3-319-50890-0_4
5. Bande F, Arshad SS, Hair Bejo M, Moeini H, Omar AR. Progress and challenges toward the development of vaccines against avian infectious bronchitis. *J Immunol Res*. 2015;2015:424860. doi:10.1155/2015/424860
6. Lee C. Porcine epidemic diarrhea virus: An emerging and re-emerging epizootic swine virus. *Virology*. 2015;12(1):193. doi:10.1186/s12985-015-0421-2
7. Whitworth J. COVID-19: a fast evolving pandemic. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 2020;114(4):241–248. doi:10.1093/trstmh/traa025
8. Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WI, Holmes EC, Garry RF. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat Med*. 2020;89(1):44–48. doi:10.1038/s41591-020-0820-9
9. Cavanagh D. Coronaviruses in poultry and other birds. *Avian Pathol*. 2005;34(6):439–448. doi:10.1080/03079450500367682
10. Gao Q, Hu Y, Dai Z, Xiao F, Wang J, Wu J. The Epidemiological Characteristics of 2019 Novel Coronavirus Diseases (COVID-19) in Jingmen, China. *SSRN Electron J*. Published online 24 de marzo de 2020:1–8. doi:10.2139/ssrn.3548755
11. Walsh KB, Lodoen MB, Edwards RA, Lanier LL, Lane TE. Evidence for Differential Roles for NKG2D Receptor Signaling in Innate Host Defense against Coronavirus-Induced Neurological and Liver Disease. *J Virol*. 2008;82(6):3021–3030. doi:10.1128/jvi.02032-07
12. Munster VJ, De Wit E, Feldmann H. Pneumonia from human coronavirus in a macaque model. *N Engl J Med*. 2013;368(16):1560–1562. doi:10.1056/NEJM1215691
13. Chouljenko VN, Lin XQ, Storz J, Kousoulas KG, Gorbalenya AE. Comparison of genomic and predicted amino acid sequences of respiratory and enteric bovine coronaviruses isolated from the same animal with fatal shipping pneumonia. *J Gen Virol*. 2001;82(12):2927–2933. doi:10.1099/0022-1317-82-12-2927
14. Geng HY, Tan WJ. A novel human coronavirus: Middle East respiratory syndrome human coronavirus. *Sci China Life Sci*. 2013;56(8):683–687. doi:10.1007/s11427-013-4519-8
15. Peeri NC, Shrestha N, Rahman MS, et al. The SARS, MERS and novel coronavirus (COVID-19) epidemics, the newest and biggest global health threats: what lessons have we learned? *Int J Epidemiol*. Published online 22 de febrero de 2020. doi:10.1093/ije/dyaa033
16. Zhou P, Yang X Lou, Wang XG, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020;579(7798):270–273. doi:10.1038/s41586-020-2012-7

17. Shulla A, Heald-Sargent T, Subramanya G, Zhao J, Perlman S, Gallagher T. A Transmembrane Serine Protease Is Linked to the Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Receptor and Activates Virus Entry. *J Virol.* 2011;85(2):873–882. doi:10.1128/jvi.02062-10
18. Cao Y, Li L, Feng Z, *et al.* Comparative genetic analysis of the novel coronavirus (2019-nCoV/SARS-CoV-2) receptor ACE2 in different populations. *Cell Discov.* 2020;6(1):1–4. doi:10.1038/s41421-020-0147-1
19. Wang H, Yuan X, Sun Y, *et al.* Infectious bronchitis virus entry mainly depends on clathrin mediated endocytosis and requires classical endosomal/lysosomal system. *Virology.* 2019;528:118–136. doi:10.1016/j.virol.2018.12.012
20. Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution | Bioinformatics | Oxford Academic.
21. Cavanagh D. Coronavirus avian infectious bronchitis virus. *Vet Res.* 2007;38(2):281–297. doi:10.1051/vetres:2006055
22. Guy JS. Turkey coronavirus is more closely related to avian infectious bronchitis virus than to mammalian coronaviruses: A review. *Avian Pathol.* 2000;29(3):207–212. doi:10.1080/03079450050045459
23. Cavanagh D, Mawditt K, Welchman DDB, Britton P, Gough RE. Coronaviruses from pheasants (*Phasianus colchicus*) are genetically closely related to coronaviruses of domestic fowl (infectious bronchitis virus) and turkeys. *Avian Pathol.* 2002;31(1):81–93. doi:10.1080/03079450120106651
24. Zhang T, Wu Q, Zhang Z. Probable Pangolin Origin of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. *Curr Biol.* 2020;30(7):1346–1351.e2. doi:10.1016/j.cub.2020.03.022
25. Jackwood MW. The Relationship of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus with Avian and Other Coronaviruses. *Avian Dis.* 2006;50(3):315–320. doi:10.1637/7612-042006r.1
26. Rothan HA, Byrareddy SN. The epidemiology and pathogenesis of coronavirus disease (COVID-19) outbreak. *J Autoimmun.* 2020;109:102433. doi:10.1016/j.jaut.2020.102433
27. Gibbs AJ, Gibbs MJ, Armstrong JS. The phylogeny of SARS coronavirus. *Arch Virol.* 2004;149(3):621–624. doi:10.1007/s00705-003-0244-0
28. Li W, Shi Z, Yu M, *et al.* Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science (80-).* 2005;310(5748):676–679. doi:10.1126/science.1118391
29. Wang LF, Walker PJ, Poon LLM. Mass extinctions, biodiversity and mitochondrial function: Are bats “special” as reservoirs for emerging viruses? *Curr Opin Virol.* 2011;1(6):649–657. doi:10.1016/j.coviro.2011.10.013
30. Woo PCY, Huang Y, Lau SKP, Yuen KY. Coronavirus genomics and bioinformatics analysis. *Viruses.* 2010;2(8):1805–1820. doi:10.3390/v2081803

31. Cavanagh D, Davis PJ, Mockett APA. Amino acids within hypervariable region 1 of avian coronavirus IBV (Massachusetts serotype) spike glycoprotein are associated with neutralization epitopes. *Virus Res.* 1988;11(2):141–150. doi:10.1016/0168-1702(88)90039-1
32. Kant A, Koch G, Van Roozelaar DJ, Kusters JG, Poelwijk FAJ, Van der Zeijst BAM. Location of antigenic sites defined by neutralizing monoclonal antibodies on the S1 avian infectious bronchitis virus glycopolypeptide. *J Gen Virol.* 1992;73(3):591–596. doi:10.1099/0022-1317-73-3-591
33. Li W, Junker D, Hock L, Ebiary E, Collisson EW. Evolutionary implications of genetic variations in the S1 gene of infectious bronchitis virus. *Virus Res.* 1994;34(3):327–338. doi:10.1016/0168-1702(94)90132-5
34. Lee CW, Hilt DA, Jackwood MW. Typing of field isolates of infectious bronchitis virus based on the sequence of the hypervariable region in the S1 gene. *J Vet Diagnostic Investig.* 2003;15(4):344–348. doi:10.1177/104063870301500407
35. Saif LJ. Coronaviruses of Domestic Livestock and Poultry: Interspecies Transmission, Pathogenesis, and Immunity. En: *Nidoviruses*. American Society of Microbiology; 2014:279–298. doi:10.1128/9781555815790.ch18
36. Chen Y, Liu Q, Guo D. Emerging coronaviruses: Genome structure, replication, and pathogenesis. *J Med Virol.* 2020;92(4):418–423. doi:10.1002/jmv.25681
37. Fehr AR, Perlman S. Coronaviruses: An overview of their replication and pathogenesis. En: *Coronaviruses: Methods and Protocols*. Springer New York; 2015:1–23. doi:10.1007/978-1-4939-2438-7_1
38. Su S, Wong G, Shi W, et al. Epidemiology, Genetic Recombination, and Pathogenesis of Coronaviruses. *Trends Microbiol.* 2016;24(6):490–502. doi:10.1016/j.tim.2016.03.003
39. Simas PVM, DE Souza Barnabé AC, Durães-Carvalho R, et al. Bat coronavirus in Brazil related to appalachian ridge and porcine epidemic diarrhea viruses. *Emerg Infect Dis.* 2015;21(4):729–731. doi:10.3201/eid2104.141783
40. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2019;17(3):181–192. doi:10.1038/s41579-018-0118-9
41. Promkuntod N, van Eijndhoven REW, de Vrieze G, Gröne A, Verheije MH. Mapping of the receptor-binding domain and amino acids critical for attachment in the spike protein of avian coronavirus infectious bronchitis virus. *Virology.* 2014;448:26–32. doi:10.1016/j.virol.2013.09.018
42. Babcock GJ, Eshaki DJ, Thomas WD, Ambrosino DM. Amino Acids 270 to 510 of the Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Spike Protein Are Required for Interaction with Receptor. *J Virol.* 2004;78(9):4552–4560. doi:10.1128/jvi.78.9.4552-4560.2004

43. Casais R, Dove B, Cavanagh D, Britton P. Recombinant Avian Infectious Bronchitis Virus Expressing a Heterologous Spike Gene Demonstrates that the Spike Protein Is a Determinant of Cell Tropism. *J Virol.* 2003;77(16):9084–9089. doi:10.1128/jvi.77.16.9084-9089.2003
44. Ignjatovic J, Ashton DF, Reece R, Scott P, Hooper P. Pathogenicity of Australian strains of avian infectious bronchitis virus. *J Comp Pathol.* 2002;126(2–3):115–123. doi:10.1053/jcpa.2001.0528
45. Shahwan K, Hesse M, Mork AK, Herrler G, Winter C. Sialic acid binding properties of soluble coronavirus spike (S1) proteins: Differences between infectious bronchitis virus and transmissible gastroenteritis virus. *Viruses.* 2013;5(8):1924–1933. doi:10.3390/v5081924
46. Winter C, Schwegmann-Weßels C, Cavanagh D, Neumann U, Herrler G. Sialic acid is a receptor determinant for infection of cells by avian Infectious bronchitis virus. *J Gen Virol.* 2006;87(5):1209–1216. doi:10.1099/vir.0.81651-0
47. Chu VC, McElroy LJ, Chu V, Bauman BE, Whittaker GR. The Avian Coronavirus Infectious Bronchitis Virus Undergoes Direct Low-pH-Dependent Fusion Activation during Entry into Host Cells. *J Virol.* 2006;80(7):3180–3188. doi:10.1128/jvi.80.7.3180-3188.2006
48. Crinion RA, Hofstad MS. Pathogenicity of four serotypes of avian infectious bronchitis virus for the oviduct of young chickens of various ages. *Avian Dis.* 1972;16(2):351–363. Accedido abril 10, 2020. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/4552675>
49. Patel BH, Bhimani MP, Bhandari BB, Jhala MK. Isolation and molecular characterization of nephropathic infectious bronchitis virus isolates of Gujarat state, India. *VirusDisease.* 2015;26(1–2):42–47. doi:10.1007/s13337-015-0248-x
50. Zhu N, Zhang D, Wang W, *et al.* A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med.* 2020;382(8):727–733. doi:10.1056/NEJMoa2001017
51. University of Medicine Johns Hopkins. Coronavirus COVID-19 Global Cases by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins. University of Medicine Johns Hopkins.
52. Munster VJ, Koopmans M, van Doremalen N, van Riel D, de Wit E. A Novel Coronavirus Emerging in China — Key Questions for Impact Assessment. *N Engl J Med.* 2020;382(8):692–694. doi:10.1056/nejmp2000929
53. Li Q, Guan X, Wu P, *et al.* Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. *N Engl J Med.* 2020;382(13):1199–1207. doi:10.1056/nejmoa2001316
54. Lessler J, Reich NG, Brookmeyer R, Perl TM, Nelson KE, Cummings DA. Incubation periods of acute respiratory viral infections: a systematic review. *Lancet Infect Dis.* 2009;9(5):291–300. doi:10.1016/S1473-3099(09)70069-6

55. Park JE, Jung S, Kim A, Park JE. MERS transmission and risk factors: A systematic review. *BMC Public Health*. 2018;18(574). doi:10.1186/s12889-018-5484-8
56. Liu S, Chen J, Chen J, et al. Isolation of avian infectious bronchitis coronavirus from domestic peafowl (*Pavo cristatus*) and teal (*Anas*). *J Gen Virol*. 2005;86(3):719–725. doi:10.1099/vir.0.80546-0
57. Abdel-Moneim AS. Coronaviridae: Infectious Bronchitis Virus. En: *Emerging and Re-emerging Infectious Diseases of Livestock*. ; 2016:133–166. doi:10.1007/978-3-319-47426-7
58. Sun J, He WT, Wang L, et al. COVID-19: Epidemiology, Evolution, and Cross-Disciplinary Perspectives. *Trends Mol Med*. 2020;26(5):483–495. doi:10.1016/j.mol-med.2020.02.008
59. Lau SKP, Li KSM, Huang Y, et al. Ecoepidemiology and Complete Genome Comparison of Different Strains of Severe Acute Respiratory Syndrome-Related Rhinolphus Bat Coronavirus in China Reveal Bats as a Reservoir for Acute, Self-Limiting Infection That Allows Recombination Events. *J Virol*. 2010;84(6):2808–2819. doi:10.1128/jvi.02219-09
60. Kim Y, Kim S, Kim S-M, et al. Infection and Rapid Transmission of SARS-CoV-2 in Ferrets. *Cell Host Microbe*. 2020;27. doi:10.1016/j.chom.2020.03.023
61. Chan JFW, Yuan S, Kok KH, et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *Lancet*. 2020;395(10223):514–523. doi:10.1016/S0140-6736(20)30154-9
62. Gorbalenya AE, Baker SC, Baric RS, et al. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nat Microbiol*. 2020;5(4):536–544. doi:10.1038/s41564-020-0695-z
63. Wang Q, Zhang Y, Wu L, et al. Structural and Functional Basis of SARS-CoV-2 Entry by Using Human ACE2. *Cell*. Published online 2020. doi:10.1016/j.cell.2020.03.045
64. Ramakrishnan S, Kappala D. Avian infectious bronchitis virus. *Recent Adv Anim Virol*. Published online 2019:301–309. doi:10.20506/rst.19.2.1228
65. Iglesias-Osores S, Saavedra-Camacho J. Will SARS-CoV-2 cause diseases in poultry? *Sci Agropecu*. 2020;11(2):281. doi:10.17268/sci.agropecu.2020.02.17
66. Zhao Z, Li H, Wu X, et al. Moderate mutation rate in the SARS coronavirus genome and its implications. *BMC Evol Biol*. 2004;4(1):1–9. doi:10.1186/1471-2148-4-21
67. Bush RM. Influenza as a model system for studying the cross-species transfer and evolution of the SARS coronavirus. En: May RM, McLean AR, Pattison J, Weiss RA, eds. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. Vol 359. Royal Society; 2004:1067–1073. doi:10.1098/rstb.2004.1481