



Importance of SARS-CoV-2 Infections in Animals of COVID-19 Affected Households and Influence of Hygiene Standards

- Ergebnisbericht -



Inhalt

Ausgangslage	3
Zielsetzung	4
Studienkonzept	5
Ergebnisse	
Gesamtstudie	6
Untersuchung der SARS-CoV-2 Delta Variante in Schweizer Haustieren aus COVID-19 Haushalten	7
Risikofaktorenanalyse mittels Besitzerfragebogen	10



1 Ausgangslage

Das „severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2“ (SARS-CoV-2) hat sich seit seinem ersten Auftreten in China im Dezember 2019 über den gesamten Globus ausgebreitet. Beim Menschen wurden weltweit 664.873.023 bestätigte Infektionsfälle und 6.724.248 Todesfälle mit 5 verschiedenen besorgniserregenden Varianten gemeldet (Quelle: WHO; bis zum Stichtag 28. Januar 2023). Auch bei Haustieren in Kontakt mit Menschen wurde die Infektion nachgewiesen: Im Februar 2020 wurde die erste Infektion eines Tieres bei einem Zwergspitz in Hongkong gemeldet, dessen Besitzer COVID-19 hatten. Es wurde eine höhere Prävalenz von SARS-CoV-2-Infektionen bei Haustieren in Haushalten mit SARS-CoV-2-infizierten Haushaltsmitgliedern im Vergleich zu Haustieren ohne bekannte Virusexposition in verschiedenen Ländern festgestellt. Im Gegensatz zum Menschen sind jedoch Beschreibungen von Infektionen bei Tieren mit spezifischen Varianten noch selten. Ziel dieser Studie ist die systematische Untersuchung von SARS-CoV-2-Infektionen bei Haustieren, die in engem Kontakt mit SARS-CoV-2-positiven Besitzern stehen ("COVID-19-Haushalte").

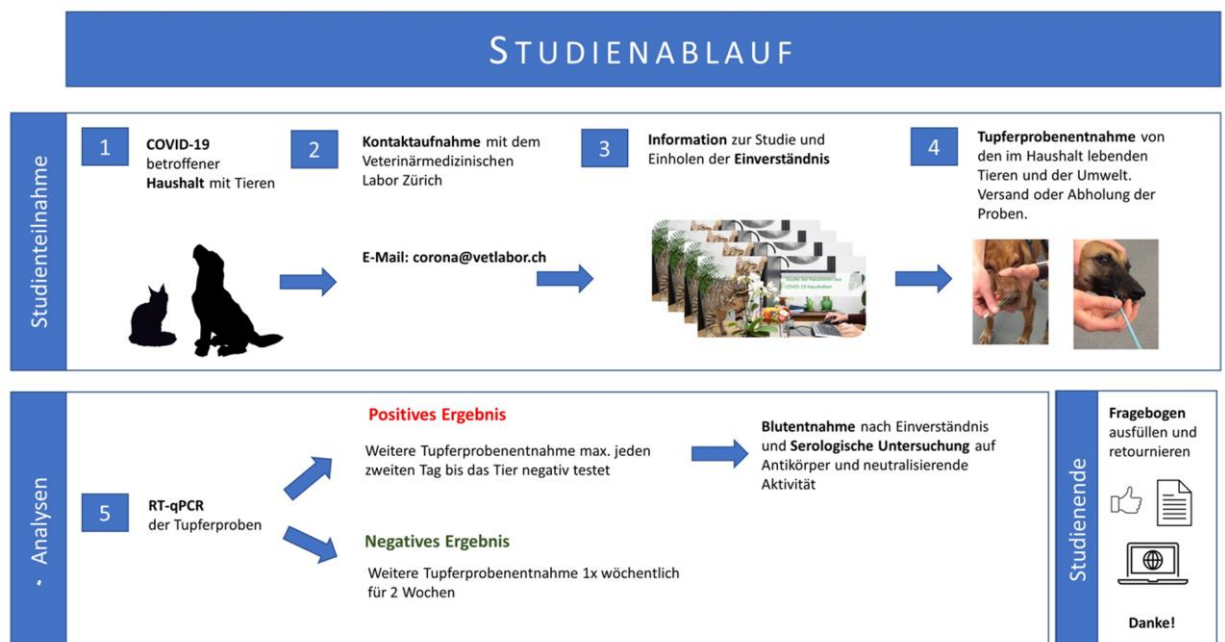


2 Zielsetzung

Diese Studie wurde durchgeführt, um (i) die Prävalenz, die Bedeutung, die klinische Präsentation, die Pathogenese sowie die geografische und demografische Verteilung von SARS-CoV-2-Infektionen bei Haustieren in von COVID-19 betroffenen Haushalten mittels RT-qPCR zur Überwachung aktiver Infektionen und mittels Serologie zur Bestimmung der Expositionsraten zu untersuchen, (ii) die Hygienestandards und die Interaktionen zwischen Tier und Mensch durch eine Befragung der Haushaltsmitglieder mittels eines standardisierten Fragebogens zu bewerten, um mögliche Risikofaktoren für die Infektion von Haustieren zu ermitteln, und (iii) die Quellen sowie die Übertragungswege von Tierinfektionen durch Sequenzanalysen von Viren von Menschen und Tieren sowie phylogenetische und dynamische Analysen zu untersuchen.

3 Studienkonzept

Haustiere aus COVID-19 betroffenen Haushalten, wurden nach Einverständnis der Besitzer*innen auf eine SARS-CoV-2-Infektion getestet. Bei jedem Tier wurden Proben für die RT-qPCR von fünf verschiedenen Stellen entnommen: Maul, Nase, Kot, Fell und Tierbett. Zwei Folgeproben wurden im Abstand von 7 Tagen oder in kürzeren Abständen entnommen, wenn das Tier positiv getestet wurde. Wenn möglich, wurden den Tieren nach der Infektion Blutproben entnommen und auf Antikörper untersucht. Darüber hinaus wurden mittels eines Fragebogens Daten zur Standardhygiene und zu den Interaktionen zwischen Tier und Mensch (und vice versa) im Haushalt erhoben, um mögliche Risikofaktoren zu ermitteln.



Figur 1: Darstellung des Ablaufs der Studie (geplant für Publikation von Dr. T. Chan)



4 Ergebnisse

4.1 Gesamtstudie

Insgesamt wurden 302 Tiere, darunter 214 Katzen, 78 Hunde und 10 andere Tiere, aus 171 von COVID-19 betroffenen Haushalten für die Studie beprobt. Die teilnehmenden Haushalte befanden sich in 16 verschiedenen Schweizer Kantonen. Positive RT-qPCR-Ergebnisse wurden vom Institut für Virologie und Immunologie bei 27 Katzen (12,6%) und 16 Hunden (20,5%) bestätigt. Serologisch wurden 21 von 45 Tieren (46,7%), von denen Blutproben zur Verfügung standen, positiv auf SARS-CoV-2-Antikörper getestet, darunter sechs Hunde und 15 Katzen. Diese, respektive vorläufige, Ergebnisse wurden von Chan et al. unter „SARS-CoV-2 Infektion bei Katzen, Hunden und anderen Tieren: Erkenntnisse zur Infektion und Daten aus der Schweiz“ im Schweizer Archiv für Tierheilkunde (<https://sat.gstsvs.ch/de/sat/sat-artikel/archiv/2021/122021/sars-cov-2-infections-in-cats-dogs-and-other-animal-species-findings-on-infection-and-data-from-s.html>), sowie im Biofokus: „Domestizierte Tiere und die Coronavirus Pandemie - Einblick in die Forschung an SARS-CoV-2 bei Tieren“ (<https://www.forschung-leben.ch/publikationen/biofokus/domestizierte-tiere-und-die-coronavirus-pandemie/>) veröffentlicht. Ausserdem wurden die Ergebnisse von Dr. T. Chan als Poster „Importance of SARS-CoV-2 Infection in Animals of COVID-19 Affected Households and Influence of Hygiene Standards auf dem 4th Poster and Networking Day der Vetsuisse Faculty (23. September 2021) sowie auf dem Southern European

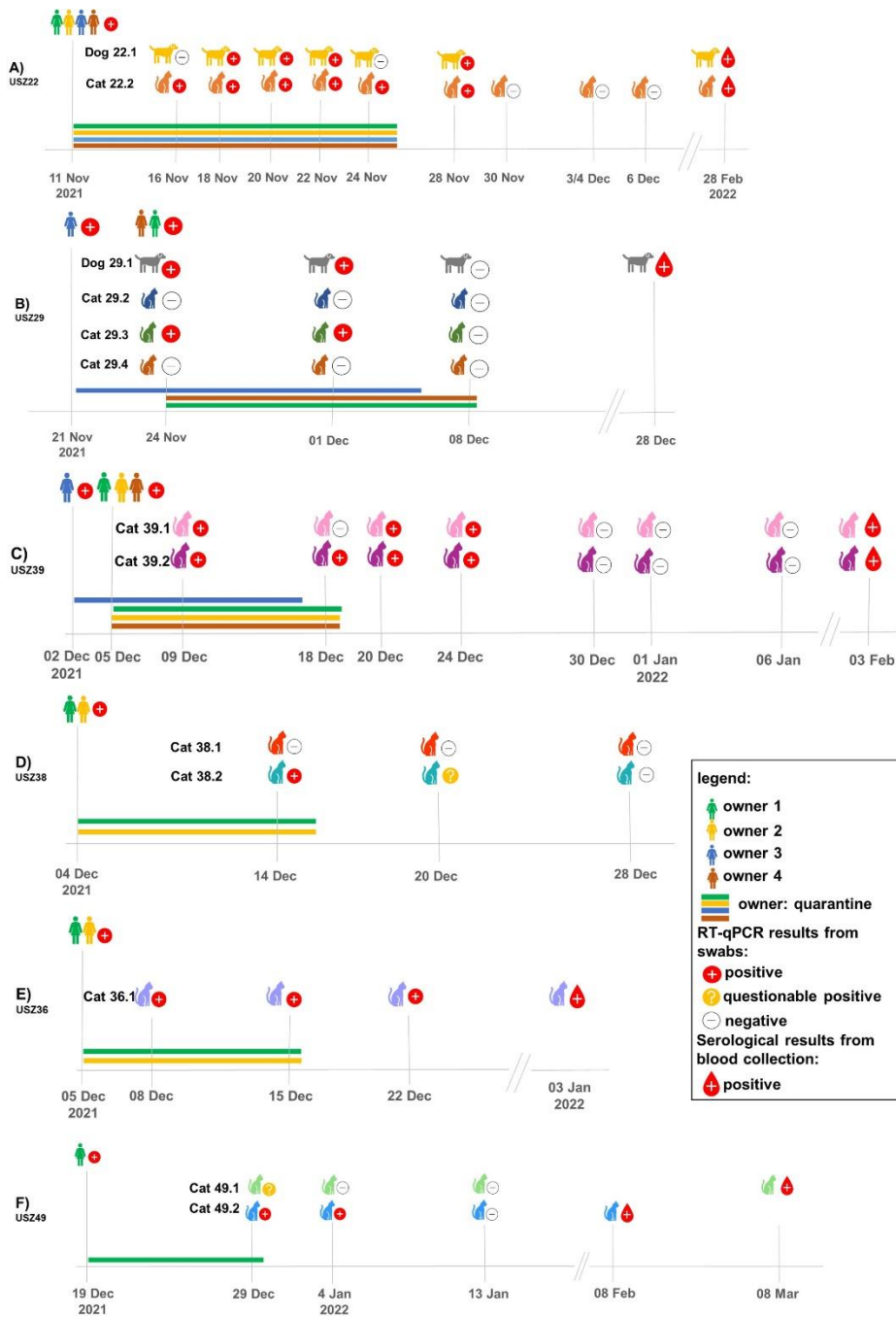


Veterinary Congress (SEVC, <https://sevc.info/index.php/en/77-el-congreso>) in Sevilla, Spanien (20.10.2022-22.10.2022) von Prof. Dr. Regina Hofmann-Lehmann (“SARS-CoV-2 Infection in Domestic and Wild Cats: Current Situation“) vorgestellt.

4.2 Untersuchung der SARS-CoV-2 Delta Variante in Schweizer Haustieren aus COVID-19 Haushalten

Ein besonderer Schwerpunkt unserer Forschung lag auf der SARS-CoV-2-Delta-Variante: Neun COVID-19-betroffene Haushalte wurden in die Studie einbezogen. Sie beherbergten insgesamt 18 Haustiere: 15 Katzen (von 14 Katzen lagen Proben vor) und drei Hunde. Alle drei Hunde und 11 von 14 getesteten Katzen wurden positiv auf die SARS-CoV-2 Delta-Variante getestet (molekularbiologisch oder serologisch). Die Haushalte befanden sich in den Kantonen Zürich und St. Gallen. Die Haushalte, in denen die Delta-Variante-Antikörper nachgewiesen wurden, wurden zwischen Mitte November 2021 und Mitte Februar 2022 positiv getestet.

Importance of SARS-CoV-2 Infections in Animals of COVID-19 Affected Households and Influence of Hygiene Standards



Figur 2: Überblick über die Tests und Ergebnisse (RT-qPCR und serologische Proben) von Tieren und Besitzern in den Haushalten die positiv auf die SARS-CoV-2 Delta Variante getestet wurden. Es werden nur Besitzer gezeigt, die positiv getestet wurden. Alle dargestellten Haushalte befinden sich im Kanton Zürich. Drei weitere Haushalte, von denen nur Blutproben verfügbar waren, wurden ebenfalls einbezogen (nicht im Bild). (Quelle: Kuhlmeier, E.; Chan, T.; Agüí, C.V.; Willi, B.; Wolfensberger, A.; Beisel, C.; Topolsky, I.; Beerenwinkel, N.; Stadler, T.; Swiss SARS-CoV-2 Sequencing Consortium; Jones, S.; Tyson, G.; Hosie, M.J.; Reitt, K.; Hüttl, J.; Meli, M.L.; Hofmann-Lehmann, R. Detection and Molecular Characterization of the SARS-CoV-2 Delta Variant and the Specific Immune Response in Companion Animals in Switzerland. *Viruses* **2023**, *15*, 245. <https://doi.org/10.3390/v15010245>)



In Zusammenarbeit mit der ETH Zürich: Department Biosysteme (BSSE) Basel und dem Schweizer Institut für Bioinformatik (SIB) Basel wurden mittels Next Generation Sequencing bei den infizierten Tieren vier verschiedene Pangolin lineages identifiziert, darunter zwei Linien (AY.129, AY.4), die bisher noch nicht bei Tieren nachgewiesen wurden. Wir stellten eine geringe Anzahl von Unterschieden in den von Tieren oder Besitzern erhaltenen viralen Sequenzen fest. Dies deutet darauf hin, dass in den meisten Haushalten eine direkte Übertragung zwischen Besitzern und Tieren sehr wahrscheinlich ist, während in den Haushalten mit mehreren Haustieren eine Übertragung von Tier zu Tier nicht ausgeschlossen werden konnte. Exklusive Unterschiede in den SNPs und Ähnlichkeiten zwischen verschiedenen Tiersequenzen könnten auf eine Anpassung des Virus an die tierischen Wirte hinweisen. Die Ergebnisse der Untersuchungen wurden von Kuhlmeier, Chan, Agüí et al. im Manuskript „Detection and Molecular Characterization of the SARS-CoV-2 Delta Variant and the Specific Immune Response in Companion Animals in Switzerland“, *Viruses* **2023** (<https://doi.org/10.3390/v15010245>) publiziert. Ausserdem wurden die Ergebnisse in Form des Posters: „Detection, Molecular Characterization of the SARS-CoV 2 Delta Variant and Specific Immune Response in Companion Animals“ von E. Kuhlmeier auf dem ISCAID Kongress, Glasgow, (4.–7. September 2022) vorgestellt.



4.3 Risikofaktorenanalyse mittels Besitzerfragebogen

Ein ausgefüllter Fragebogen wurde von 122 COVID-19 betroffenen Haushalten innerhalb der Studie ausgewertet. Darin wurden abgefragt:

- Allgemeine Daten zu den Haushaltsmitgliedern
- Allgemeine Hygiene der Haushaltsmitglieder (Handwaschverhalten, Hygiene bei Husten/Niesen)
- Tierhygiene (Waschen von Spielzeug, Tierbett, Futternapf etc.)
- Allgemeine Daten zu den Tieren (Alter, Vorerkrankungen, Symptome etc.)
- Interaktion zu/mit den Tieren (Kontaktzeit, Kontaktarten (im selben Bett schlafen, Gesicht/Hände ablecken lassen))

Diese Angaben wurden analysiert um herauszufinden, welche Faktoren die Infektion von Tieren in COVID-19 Haushalten beeinflussen. Das Vorhandensein von minderjährigen Personen im Haushalt erhöhte das Risiko, dass Tiere sich infizierten. Bei Katzen war das Infektionsrisiko geringer, wenn sie Zugang ins Freie hatten und ihre Katzentoilette seltener geleert wurde. Umweltproben (Fell, Tierbett) wurden signifikant häufiger positiv getestet, wenn die Tiere im Haushalt ebenfalls positiv getestet wurden. Die Studie bestätigt die Bedeutung der Übertragung innerhalb des Haushalts als Hauptübertragungsweg von SARS-CoV-2 zwischen Tierhaltern und ihren Tieren. Sie unterstreicht die Bedeutung der Überwachung der Infektionsübertragung und -dynamik bei Menschen und Haustieren im Rahmen eines One Health-Ansatzes.



Eine Publikation der Ergebnisse ist in Planung. Vorläufige Ergebnisse wurden mittels Poster „Risk factor analysis for SARS CoV 2 infection in companion animals living in SARS CoV 2 affected households in Switzerland“ auf dem ISCAID Kongress, Glasgow, (4.- 7. September 2022) sowie auf dem 5th Poster and Networking Day der Vetsuisse Faculty (29. September 2022) von E. Kuhlmeier präsentiert.