

MPXV 的流行动态、遗传演化分支及其公共卫生安全挑战

景伟^{1,2,3#}, 陈国华^{1,2,3#}, 房永祥^{1,2,3}, 何小兵^{1,2,3}, 景志忠^{1,2,3*}

(1. 中国农业科学院兰州兽医研究所 动物疫病防控全国重点实验室, 兰州 730046; 2. 甘肃省病原生物学基础学科研究中心, 兰州 730046; 3. 农业农村部兽医公共卫生重点实验室, 兰州 730046)

摘要:猴痘(Monkeypox, Mpox)是由猴痘病毒(Mpox virus, MPXV)感染引起的一种以发热、皮疹和淋巴结肿大为特征的病毒性人兽共患病,近3年内两次被WHO认定为“全球关注的突发公共卫生事件”,分别由MPXV进化亚支Ⅱb和Ⅰb毒株谱系引起,并在世界范围内暴发流行,其中MPXV进化亚支Ⅱb毒株曾在我国输入性感染和本土隐秘性传播,波及全国至少25个省市自治区,目前MPXV进化亚支Ⅰb毒株也输入我国,并造成密切接触感染形成二代病例,这对我国公共卫生安全构成了巨大的威胁和挑战。该文通过对MPXV的流行动态以及不同遗传进化亚支毒株和生物学特性的介绍,探讨其从动物到人类适应后在人际间共流行的趋势和危害,为Mpox防控和公共卫生风险应对提供依据。

关键词:猴痘病毒;进化亚支;流行态势;公共卫生风险;预防控制

中图分类号:R373.9 **文献标志码:**A **文章编号:**1000-8721(2025)03-0652-11

DOI:10.13242/j.cnki.bingduxuebao.250024

猴痘病毒(Monkeypox virus, MPXV)属于痘病毒科正痘病毒属,与天花病毒同属。1958年在丹麦哥本哈根的实验猴群中发生了非致命性的痘样疾病,而发现了MPXV,并被命名为“猴痘”(Monkeypox, Mpox)。1970年人们发现类似天花的感染持续发生在非洲乡村地区的人群中,这导致人类猴痘(human Mpox)被确定为一种不同于天花的疾病。在2022年全球疫情中,WHO为避免对人类猴痘的污名化而将其简称为“Mpox”^[1]。

自2022年后,WHO分别在2022年7月23日和2024年8月14日3年内连续两次宣布Mpox构成“国际关注的突发公共卫生事件”(Public health emergency of international concern, PHEIC),这是WHO宣布人类疫情史上仅有的一次。其中在首次PHEIC疫情中,确认流行的是MPXV进化支Ⅱb毒株谱系,主要在男男性接触的人际间传播,已波及127个国家地区,造成11.77万例病例,263例死

亡^[2]。在第二次PHEIC疫情中,自2024年1月-11月,新一波Mpox疫情已报告在24个国家造成5.76万例病例和1198例死亡,现仍在非洲15个国家暴发流行,其中刚果民主共和国(DRC)、布隆迪和乌干达是受危害最严重的国家。同时发现这波新疫情主要是MPXV进化支Ⅰ毒株由动物传播到人适应后,主要在中非和东非地区人际间流行,确认是MPXV进化支Ⅰb毒株谱系,并已在非洲之外的瑞典、泰国、印度、德国、英国、美国、加拿大、比利时、法国、巴基斯坦、阿曼和中国等12个国家报告了其首例输入性MPXV分支Ⅰb毒株病例,其中英国、德国和中国的输入病例导致出现接触性二代续发病例^[2,3]。由于非洲的这波Mpox新疫情源自动物MPXV进化支Ⅰ即Ⅰa毒株传播到人,适应后形成一种新变种MPXV进化支Ⅰb毒株谱系;而且,该毒株谱系的病例数在短时间内激增,并与以往主要通过性接触传播的MPXV不同,还可通过直接接触等多种方式传播^[2,4];此外,该毒株谱系病毒具有传播快、致病性强和死亡率高,主要危害儿童和妇女等人群,这些疫情特征和态势又给Mpox的防控带来了巨大的挑战,一旦跨洲际外溢到非洲以外的更多其他国家,这将导致MPXV进化支Ⅰb和Ⅱb毒株谱系在全球人群中流行的疫情,并会给世界造成更大的危害和威胁^[2,4,5]。该文通过MPXV的发现、流行史以及遗传演化不同进化支毒株和生物学特性的介绍,探讨其从动物到人类适应后在人际间共流行的趋势和危害,为从动物源防控和公共卫生风险应对提供依据。

收稿日期:2025-01-15; **接受日期:**2025-04-04

基金项目:国家自然科学基金面上项目(项目号:32473069),题目:我国LSDV疫苗样重组流行毒株及其再重组与生物学特性研究;国家动物疫情监测与防治专项(项目号:125161031),题目:牛结节性皮肤病疫情监测与防治

#共同第一作者:景伟和陈国华

作者简介:景伟(1996-),男,研究方向为兽医公共卫生学,Email:2635378262@qq.com;陈国华(1978-),女,副研究员,主要从事病原与宿主互作分子生物学和免疫学研究,Email:chengguo-hua2@caas.cn

***通信作者:**景志忠(1964-),男,研究员,主要从事人兽共患病及免疫学的研究工作,Email:zhizhongj@163.com

1 Mpox 流行史与动态

1.1 Mpox 流行的重要节点与事件

1958年,MPXV首次在丹麦食蟹猴中发现;1962年,宾夕法尼亚大学实验室猴子中再次暴发MPXV感染;1964年,在荷兰的鹿特丹(Rotterdam)动物园的南美巨食蚁兽(South American Giant Anteaters)中发现MPXV;1970年,在中非地区DRC的9月龄男婴中发现首例人猴痘(Mpox)病例;2000年,在DRC实施了综合疾病监测与响应计划;2003年,美国首次报告非洲以外的Mpox疫情暴发;

2017年,在尼日利亚暴发了最大的Mpox疫情;2018年,在非疫区国家出现Mpox病例,如以色列、英国和新加坡等国家;2019年,JYNNEOS成为第一个用于预防Mpox的疫苗被注册;2021年,WHO对全球127个实验室的正痘病毒的检测能力进行了调查;2022年5月,Mpox首次在多国暴发,WHO并于7月23日宣布Mpox首次构成“PHEIC”,且于2023年5月10日解除了PHEIC状态^[2,4,5];2024年8月14日,WHO再次宣布Mpox构成“PHEIC”,11月22日评估仍满足“PHEIC”标准到现在(图1)^[2]。

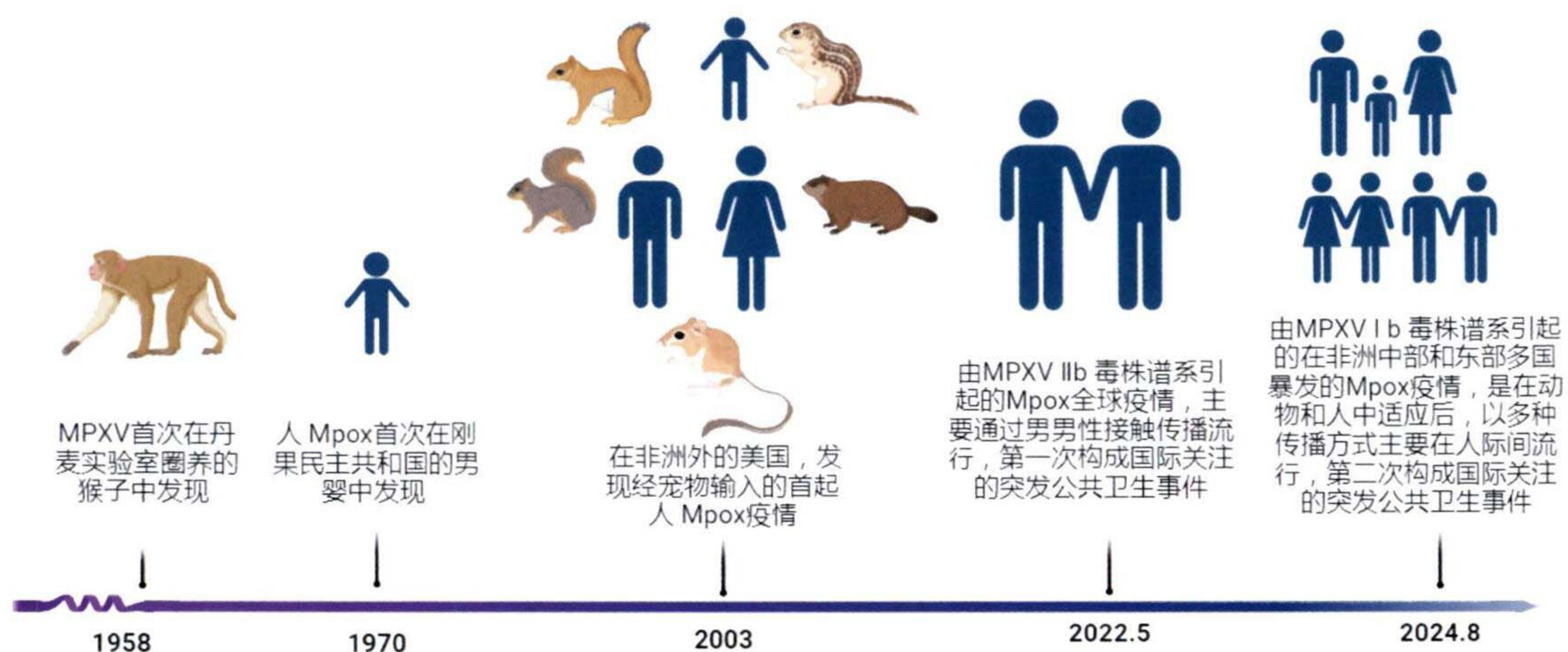


图1 MPXV不同分支毒株人兽共患性传播动态

Figure 1 Zoonotic transmission dynamics of MPXV strains from different subclades

1.2 非洲疫区国家的暴发流行

非洲的西非和中非两个区域都是Mpox的主要流行区,然而在2022年疫情暴发之前,在非洲以外仅发现了少数病例,而且这些病例均与疫区国家的输入有关^[2]。1970年在中非地区的DRC,发现一名类似天花症状的婴儿患有Mpox,表现为发烧,头痛,体表皮肤布满脓液水泡。之后,Mpox主要在DRC、喀麦隆、科特迪瓦、利比里亚、尼日利亚和塞拉利昂6个非洲国家流行,1970年代共报告了48例Mpox确诊和疑似病例,其中报告的大多数病例发生在DRC^[6,7],病例从1970-1979年的38例上升到1990-1999年的511例,是受危害最严重的国家^[5]。

在20世纪70年代至80年代期间,DRC确诊和疑似Mpox的病例数增加了9倍,另外还在其他4个非洲国家共发现14例新增病例。整个20世纪90年代,病例持续上升。在2000-2009年间,其中3个非洲国家记载了Mpox病例。然而,在2010-2019年期间,有7个非洲国家(喀麦隆、中非共和国、DRC、利比里亚、尼日利亚、塞拉利昂和刚果共和国)报告了

病例^[6]。尽管Mpox的病死率(case fatality ratio, CFR)有所上升,但仍主要在刚果盆地的DRC流行,每年报告发生1000多例^[1,2]。自2003年以来多个国家都记载了Mpox病例,其中尼日利亚在2017年暴发了最大规模的疫情^[8]。在2017年之前,尼日利亚最近的一例人类Mpox病例记载于1978年,而到2017年11月中旬,该国发生了一次重大的MPXV进化支II病毒疫情,在14个州发现了42例确诊Mpox病例和146例疑似病例^[9]。在2022年1月至2023年1月期间,13个西非和中非地区流行国家报告了1205例Mpox病例,是2022全球Mpox疫情流行的一个组成部分^[10]。

1.3 2003年在非疫区美国的暴发

2003年,来自加纳的宠物与本土的草原土拨鼠在美国感染了47人,导致了非洲以外的第一次Mpox暴发^[10]。鉴于大多数受影响的个体在接触宠物草原土拨鼠后患病,人们认为当地的草原土拨鼠与西非加纳进口的巨颊囊鼠关在同一笼子里是疫情暴发的主要来源^[8]。这次疫情影响了美国的伊利诺

伊州、印第安纳州、堪萨斯州、密苏里州和威斯康星州,导致47名患者,其中37人确诊为MPXV感染病例。除了少数病例外,这次疫情的症状一般都较轻微,并且没有死亡或人际间持续传播的情况。通过遗传分析,确定该病毒株为MPXV进化支Ⅱ。在美国暴发的病例中,很大一部分是成年人,而非洲的Mpox疫情对儿童的影响很大。继2003年在美国暴发后,Mpox作为一个严重的公共卫生问题才引起了国际关注^[11]。

1.4 2022全球人际间的疫情暴发

一场国际性的MPXV进化支Ⅱ毒株流行始于2022年,并继续传播到许多以前从未报告过Mpox暴发的非洲以外国家。2022年5月7日英国首先向WHO通报了1例人感染Mpox病例^[5]。5月13日,英国再次报告了与之前病例无关联的同一家族的2例Mpox病例。5月16日,英国又报告4例男性Mpox病例,并确定均为同性恋、双性恋等有男男性行为者。5月18日西班牙、葡萄牙和加拿大分别报告了7例、14例和13例MPXV感染病例。次日意大利、瑞典和比利时分别确认了其首例Mpox病例,第三日澳大利亚宣布了2例病例,溯源均为最近从欧洲旅行的返回者。这些首批Mpox病例由德国、法国和荷兰分别在5月20日确认,次日也被瑞士和以色列分别确认。自2022年1月1日来,WHO美洲、非洲、欧洲、东地中海和西太平洋五个区域的42个成员国均向WHO报告了Mpox病例,这表明Mpox以男男性行为相关方式传播开始导致全球疫情暴发^[12]。

大量病例追踪溯源认为,来自非洲疫区的人最初被感染了这种病毒,然后传播到北美和欧洲。而且流行病学调查发现,2022全球疫情中的大多数病例都是在性健康或其他医疗保健的卫生机构中记载的,而且其以前的旅行记录主要是前往欧洲、北美或其他疫区地区的国家^[12]。虽然该疫情并没有造成很高的死亡人数,但WHO专家评估认为在全球范围内已构成了中等风险,为此WHO总干事在国际卫生条例(2005)突发事件委员会会议后,于2022年7月23日宣布,多国的Mpox疫情构成了PHEIC^[13]。

这次Mpox疫情非常规在全球范围暴发,从2022年1月1日至2023年8月31日,世界所有六个区域的114个国家或地区向WHO报告了累计共8.96万例确诊病例,160例死亡。其中全球报告累计病例数最多的10个国家,分别为美国、巴西、西班牙、法国、哥伦比亚、墨西哥、秘鲁、英国、德国和加拿

大,这些国家的病例总数占全球报告的82.9%,其中美洲、欧洲地区占了病例总数的95.70%^[5]。然而,WHO在2023年5月10日宣布解除“PHEIC”后,虽然2022全球疫情得到有效控制,病例数也大大减少,但一些非洲、亚洲国家仍有反弹之势,报告发生了本土人际间的续发病例和隐秘传播,其中我国Mpox病例数急剧飙升,数月新增病例2355例(大陆1913、台湾340、香港84)(自2023年6月后),首次跻身排名全球第十的国家,对我国猴痘防控提出新的要求和挑战^[1,14]。

1.5 2024新变异毒株的疫情暴发

随着全球MPXV进化支Ⅱ毒株Mpox疫情的减少,中非地区的进化支Ⅰ毒株的感染却一直在增加,特别是在偏远的森林地带,被认为是动物Mpox的外溢传染,并在家庭内发生继发性人际间传播^[15]。据报告,DRC的Mpox病例每年逐步增加,2023年达创纪录的1.46万例,这表明人与人之间的传播正在增加^[16]。此外,也发现了一系列与性接触有关的MPXV感染,同时新的Mpox病例已继续在DRC以前未受危害的几个地区出现,其基因组测序证实出现了进化支Ⅰ的不同谱系毒株即Ⅰb的流行^[17,18]。

在地理分布上,之前在DRC的26个省中,其中11个被确认为Mpox的疫区,然而近年来Mpox病例总数和报告的省份都有所增加,在2023年11月达到22个省,而且Mpox病例数出现了已知激增的最高峰。此外,2023年在DRC南基伍省(South Kivu)、广果省(Kwango)和金沙萨市(Kinshasa)等以前未报告Mpox的地理区域也报告了病例,而且MPXV进化支Ⅰ毒株比MPXV进化支Ⅱ毒株更能引起严重的疾病。从2023年1月1日至2024年4月14日,DRC报告了多起疫情,共约1.99万例疑似的进化支Ⅰ型Mpox病例和975例死亡。在DRC的26个省中,有25个省在2023-2024年报告了新型Mpox疫情,其中首都金沙萨为首次报告^[19]。此外,由于目前发现的MPXV进化支Ⅰ毒株主要在人际间传播,而且也至少波及非洲十多个国家,极大地加大了对全球的威胁和危害^[20]。因此,2024年8月14日WHO再次宣布Mpox构成PHEIC,并呼吁世界各国应采取紧急行动,避免Mpox疫情持续蔓延^[1,21]。

目前还不清楚为什么会发生这种同时影响男人、女人和儿童的Mpox,但这与2022全球Mpox疫情暴发的流行病学情况十分不同。在2022-01-01至2024-11-30期间,非洲20个国家报告确诊Mpox总病例数1.38万例,死亡60例,其中DRC报告确诊

9513例,死亡43例;布隆迪报告确诊2650例,死亡1例;乌干达报告确诊1027例,死亡6例。另外,还报告了大量的Mpox疑似病例,如DRC共报告疑似病例4.39万例,疑似死亡1138例。其次,还有一些新发现MPXV进化支I b谱系Mpox的国家和地区^[2],现已波及到布隆迪、肯尼亚、卢旺达、乌干达、赞比亚和津巴布韦等国家。第三,还在一些国家或地区存在不同进化支毒株Mpox的发生,其中在非洲的西部、北部和南部国家报告了进化支II型MPXV,非洲中部和东部的国家报告了进化支I型MPXV;喀麦隆报告了两个进化分支的感染病例,其中该国东部报告了MPXV进化支I型Mpox,而西部报告了MPXV进化支II型Mpox^[2]。现在MPXV进化支I谱系引起的Mpox疫情现已至少波及非洲十多个国家,还跨洲际外溢到非洲之外的12个国家,溯源均具有中非和东非的旅居史,这说明新一波Mpox跨国、跨洲际间传播的风险越来越大,值得引起世界各国的高度警惕和积极应对^[2,4]。

2 MPXV进化分支与生物学特性差异

MPXV曾被分为两个主要病毒进化大分支,即进化支I和进化支II,其中MPXV进化支I毒株最初来自刚果盆地或中非地区,故又称刚果盆地或中非毒株;MPXV进化支II毒株最初来自西非地区,又称西非地区毒株^[22]。依据最近的研究,MPXV进化支I又分为进化支I a和I b,其中进化支I a代表原来的进化支I,进化支I b是最近确定的2024流行在非洲人际间疫情的进化支I毒株新谱系;MPXV进化支II又分为进化支II a和II b,其中进化支II a代表原来的进化支II,进化支II b是2022年全球人际间流行的进化支II毒株谱系^[1,2,4]。MPXV的这些主要进化支及其各自的亚支系都具有遗传、临床和地理分布上的差别^[22]。MPXV进化支I和II的病毒基因组序列的差异,主要在于其基因组末端部分的丢失与获得,因而造成在毒力、宿主范围以及传播方式等生物学特性的差别。值得注意的是,MPXV各进化支的突变体,如进化支I b和II b均是通过被感染的动物跨种传播到人类,而在人类连续演变适应后形成的,后在人际间持续传播^[1,2]。

2.1 MPXV进化支I即I a谱系

MPXV进化支I最初被确定为中非或刚果盆地进化支,代表了一个独特的遗传谱系。MPXV进化支I相关的人类感染类似于典型的天花,具有相似的潜伏期和前驱期,其特征是发烧、头痛和不适等症状^[5]。MPXV进化支I比进化支II具有更高的传

播力和毒力^[23,24]。MPXV进化支I和II毒株间大约有0.5%的基因组序列差异,对应产生不同的疾病表现^[24]。在食蟹猴的回顾性调查和实验感染表明,MPXV进化支I比进化支II毒株具有更高的毒力和更高的致病率^[25]。研究强调,与MPXV进化支II相比,进化支I感染往往导致更严重的疾病表现和更高的CFR,其导致的死亡率高达10%,而进化支II的不到1%^[25]。

MPXV进化亚支I a主要在DRC发现,并在多个省份流行,近年来越来越多地在该国的其他省份以及邻近的中非共和国被新发现,也在刚果共和国(RC)报告了一些病例^[2,4]。在DRC和中非共和国,儿童的病例所占比例较高,而在RC的大多数病例为成年人。基因组测序分析表明,MPXV进化亚支I a通常通过动物源暴露在人群中而出现。流行病学资料和系统发育分析也表明,许多由MPXV进化亚支I a引起的人类Mpox暴发是动物源的外溢,并伴有继发性人际间传播的后果^[2]。

最近研究认为,DRC的MPXV进化支I毒株基因组序列表现为多样性,且是以人兽共患性传播占优势^[26]。对MPXV进化支I的系统进化研究显示,2018-2024年间分离的进化支I a毒株中存在五个主要群(命名为I至V),现统称为I a谱系^[26,27]。根据描述的I a进化支群^[28],先前报道的少数野生动物进化支I a基因组属于I群,即从喀麦隆的黑猩猩身上获得的毒株,但后来再未发现新的毒株属于I群。来自DRC的松鼠(*Funisciurus sp.*)和鼯鼠(*Crocidura sp.*)获得的毒株属于II群和III群。其中II群毒株在DRC最为多样化,并广泛分布,这包括来自位于刚果河或其支流周围等地区的328个毒株,在II群毒株中至少观察到三个子群。有趣的是,来自DRC金沙萨的6个毒株分属于II群的3个不同谱系,并与来自Mai-Ndombe和Equateur等流行省份的毒株聚集在一起。另外,II群还包括先前报道的来自邻国如中非共和国、苏丹和刚果共和国的毒株。III群毒株仅包括来自DRC的MPXV基因组,主要出现在DRC中部的桑库鲁省(Sankuru)和措波省(Tshopo)。IV群毒株主要在DRC的Kwilu、Sankuru和Maniema省,与该国的南部大草原地区的相对应。V群仅包括2006年在DRC的Sankuru区报道的一株分离株(JX878417)^[26]。

然而,一些新证据表明,在MPXV从DRC流行地区输入后,在金沙萨的性行为网中也存在MPXV进化亚支I a的持续的人际传播,这可能反映了其

他省份的性传播。目前认为,MPXV 进化支 I a 毒株主要影响 DRC 的流行地区,在其他中非和东非国家仅报告了一些散发病例。在这些国家中,Mpox 与人兽共患外溢事件以及主要通过包括性接触在内的密切接触的人际间传播有关。WHO 最近评估认为 MPXV 进化支 I a 毒株的公共卫生风险为高度,国家间和国际性传播的风险为中度^[2]。

2.2 MPXV 进化支 II 即 II a 谱系

MPXV 进化支 II a 的比较基因组分析显示,进化支 I 和进化支 II a 之间的核苷酸差异约为 0.55%~0.56%,这些差异主要发生在编码重要毒力基因的区域,这可能解释了二者间临床症状严重程度差异。据估计,MPXV 进化支 I 包含 173 个不同的功能基因,而进化支 II a 预计包含 171 个独特的基因。MPXV 进化支 I 和进化支 II 之间致病性的差异归因于特定基因同源物的差异^[5,24]。

2024 年,科特迪瓦、几内亚和利比里亚首次报告了进化支 II a 型 MPXV 的流行。流行病学分析表明,这两个国家正在经历进化支 II a 毒株的持续的社区传播,病例分布在这些国家的广泛地理区域,这是一个令人担忧的新现象,因为在 2024 年之前从未报道过 II a 进化支 MPXV 的人际传播。此外,在科特迪瓦和利比里亚首次报道了 II a 和 II b 进化支 MPXV 的共循环流行^[2]。

MPXV 进化支 II a 传播模式尚不完全清楚,仍然是科学文献中描述最少的毒株^[2,4]。在成人和儿童中,已报告了一些病例,其中许多病例缺乏已知的流行病学联系,这说明正在发生未被发现的社区传播。虽然没有证据表明该毒株通过性接触传播,但很可能所有形式的密切接触都有助于其发生,并在 2024 年首次被记载。MPXV 进化支 II a 型 Mpox 主要在尼日利亚以及西非和中非国家的疫区流行,以危害儿童和成人为主,并与人兽共患外溢事件以及主要通过密切的身体接触(包括性接触)的人际间传播有关^[2]。

2.3 MPXV 进化支 II b 谱系

MPXV 进化支 II b 与 2022 全球性 Mpox 疫情有关,是一个新确定的亚群谱系。与 MPXV 进化支 I 和 II a 不同,进化支 II b 表现出人与人之间传播的增加,这种升高的传播可能发生在全球各个区域^[5,22]。值得注意的是,在全球疫情期间,在 MPXV 进化支 II b 谱系感染的情况下,免疫功能低下的艾滋病毒感染的成人中出现了严重的疾病症状和死亡。2022 年 MPXV 进化支 II b 病例的激增归因于非洲

以外的人际间传播^[24]。在 MPXV 进化支 II 病毒基因组中,发现了许多 ORF 被破坏,特别是在进化支 II b 中,这些 ORF 编码与免疫逃避有关的基因,其突变可能是导致进化支 II 毒株毒力低于进化支 I 的原因^[27]。

在非洲西部、北部和南部的其他地区以及世界其他地区发生的大多数 Mpox 疫情,都是由 II b 进化支 MPXV 引起的,是 2022 年多国 Mpox 疫情的延续^[2]。尽管 WHO 在东地中海区域的一些国家报告也存在 A.1 谱系的流行,但大多数区域报告存在 II b 进化支 B.1 谱系的流行,而且非洲以外受影响最严重的人群仍然是通过性接触而暴露的男男性行为者。然而,在其他人群(如妇女和儿童)被 Mpox 影响时,它不能导致持续传播,这与在非洲观察到的 MPXV 进化支 I 型 Mpox 不同。近几个月来,澳大利亚出现了前所未有的病例上升趋势,截至 2024 年 11 月 30 日,澳大利亚向 WHO 报告了 1352 例确诊病例。尽管如此,风险评估认为 MPXV 进化支 II b 毒株仍能造成全球风险,疫情主要影响男男性行为的成年男子,并主要通过性接触传播,总的公共卫生风险已降为中度,国际性传播的风险也降为中度,因此由 MPXV 进化支 II b 毒株引起的这波全球 Mpox 疫情已得到有效的控制。

2.4 MPXV 进化支 I b 谱系

MPXV 进化支 I b 与 2024 年在非洲人际间传播的疫情相关,是最近确定的进化支 I 毒株的新谱系。MPXV 进化亚支 I b 主要在 DRC 东部省份和邻国传播,其中布隆迪和乌干达也报告了社区传播,肯尼亚和卢旺达报告了聚集性病例,赞比亚和津巴布韦报告了与旅行有关的病例。目前还没有人类 Mpox 病例与疑似动物接触有内在联系的证据,但该亚支主要通过人与人之间的密切身体接触传播,也有通过气溶胶的呼吸传播^[2]。目前的基因组测序数据表明,在 DRC,已在南基伍、北基伍、金沙萨、开赛(Kasai)、措普(Tshopo)、坦噶尼喀(Tanganyika)、上加丹加(Haut-Katanga)和迈恩多姆(Mai' Ndombe)等 8 个省发现该分支毒株,它是扩展传播最快的 MPXV 毒株。布隆迪和乌干达正在发生 MPXV 进化亚支 I b 的社区传播,也是其报告的唯一毒株^[2]。目前,已在非洲以外的 12 个国家也发现了输入性旅行相关病例。按时间顺序排列,这些国家包括瑞典、泰国、印度、德国、英国、美国、加拿大、巴基斯坦、法国、比利时、阿曼和中国^[3]。

MPXV 进化亚支 I b 向新地区的传播,主要是

通过年轻人之间的密切的身体接触(通常是性接触)传播。在聚集性病例扩大的最初地方,随着疫情的发展,传播模式似乎也发生了变化,更多的是通过密切的直接身体接触在家庭和社区内传播,导致在年龄和性别分布上逐渐发生了变化,并引起了儿童病例的比例不断上升^[2]。

2022年开始的由MPXV进化支Ⅱb驱动的多国Mpox暴发表明,性接触可维持MPXV的社区传播。同样,MPXV进化亚支Ⅰb也可通过性接触传播,但通过非性行为的直接身体接触传染的可传播性和可持续性,仍有许多问题有待阐明^[1,2]。在持续传播的环境中,可能是由性接触、家庭接触和社区接触共同造成的结果。为进一步评价这波Mpox疫情的防控效果以及目前的风险,2024年11月22日WHO突发事件委员会专门召开会议,一致认为目前的Mpox疫情仍符合国际关注的突发公共卫生事件的标准。目前认为MPXV进化支Ⅰb毒株主要影响DRC及其非疫区的邻国。在这些地区国家,Mpox主要通过包括性接触传播在内的人与人之间的密切身体接触,而且国际性的传播主要与性接触有关。WHO评估认为MPXV进化支Ⅰb毒株总的公共卫生风险为高度,国家间和国际性传播的风险为高度^[2]。因此,新一波Mpox疫情的风险和防控任重道远。

3 当前Mpox的公共卫生问题与挑战

3.1 MPXV进化亚支谱系来源的多样性与复杂性

3.1.1 MPXV进化亚支毒株谱系均由进化支Ⅰ和Ⅱ演化而来,并早在动物中存在

MPXV进化亚支Ⅱa和进化亚支Ⅰa分别在1958年和1970年被首次发现,一直持续到最近几年仍能零星检测到,表明其在动物宿主库中继续传播,因而从历史上看,Mpox一直被认为是一种地方流行性人兽共患病,通过与啮齿动物宿主接触主要在西非和中非传播^[28]。2022年5月,一种被称为B.1的MPXV进化支Ⅱb谱系在世界各地迅速传播,导致全球Mpox暴发^[29]。经对2021-2023年间尼日利亚Mpox疫情中获得的112个MPXV基因组分析,确定尼日利亚南部的人兽共患性疫病的外群毒株(zoonotic outgroup)与人类Mpox流行最密切,估计在2014年7月左右开始在人际间隐秘传播,直到2017年9月在尼日利亚的暴发流行中才被发现,并认为APOBEC3活性改变使MPXV在人传人过程中的进化速率提高了20倍,也导致Mpox在尼日利亚暴发大约5年后,引起在全球多国暴发Mpox疫

情,这说明MPXV进化支Ⅱb毒株是由MPXV进化支Ⅱa毒株遗传演化而来^[29,30]。

对于MPXV进化支Ⅰb毒株谱系而言也是如此。DRC东部的疫情于2023年9月在矿区Kamituga首次报告,然后蔓延到其南基伍省的其他城市和邻近的北基伍省的戈马,对其毒株的系统发育分析发现了一个新的MPXV进化支Ⅰ的谱系,它不同于之前的在疫区发现的毒株^[16,17]。将这些序列与邻近省份较早的动物源感染的毒株进行比较,表明该谱系可能在当地动物宿主中早已存在^[5,21]。而且,有限基因组序列的研究证实是源自MPXV储藏宿主的多个感染的独立溢出事件,并随后发生了二次传播^[17]。因此,MPXV进化亚支毒株谱系均由进化支Ⅰ和Ⅱ演化而来,并早在动物和人际间中存在,然而目前在动物中MPXV的感染和携带情况并不完全清楚,哪些动物种是天然宿主,哪些是储藏宿主值得进一步搞清楚。

3.1.2 动物宿主的多次引入和多驱动因素造成Mpox多样性传播

DRC的MPXV进化支Ⅰ流行毒株的遗传多样性分析表明,Mpox疫情涉及境内动物宿主的多次引入,而不是单一引入导致其在全国范围内传播。对来自2018-2024年DRC 14个省的337名患者的Mpox分离毒株基因组序列分析,发现来自DRC南基伍省东部的所有新毒株,仅有4.8%与Ⅰb进化支MPXV相对应,且与性接触和持续的人际间传播有关。而所有其他毒株基因组都是MPXV进化支Ⅰa谱系。与进化支Ⅰb相比,MPXV进化支Ⅰa谱系具有较高的遗传多样性以及较少的APOBEC3突变,这表明存在多次的人兽共患性疫病的引入,已形成Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ和Ⅴ群的MPXV进化支Ⅰa谱系^[29,30]。

根据DRC流行病学和基因组测序数据证实,最初至少发生了两起独立的MPXV进化支Ⅰ毒株的暴发。其中在成人中的疫情,受影响的大多数妇女被认定为性职业工作者,并在2023年4月首次报道了MPXV进化支Ⅰ毒株通过性接触传播的病例。随后,来自南基伍省东部Kamituga卫生区的流行病学调查表明,该病转向通过包括妇女在内的成年人之间的性接触方式传播^[31,32]。另外,在DRC新发生疫情的省份,主要影响儿童。2024年DRC报告病例数占非洲地区病例总数的96.3%,死亡病例数占97%。而且,在DRC近70%的病例为15岁以下儿童,这一群体在该国死亡病例中占比达85%。为此WHO于2024年7月11日警告,一种更加致命的

MPXV 新毒株正在 DRC 快速传播^[19]。在 DRC 的疫情中,儿童是受影响最严重的人群,死亡率很高,这表明通过家庭、社区的直接接触和垂直传播是儿童的主要感染途径^[2,4]。因此,对非洲地区国家而言,既存在着在人际间暴发流行的 MPXV 进化支 I b 和进化支 II b 毒株谱系,也存在着动物与人以及动物与动物间传播的 MPXV 进化支 I a 和进化支 II a 毒株谱系。

3.2 Mpox 致病的严重性与危害性

3.2.1 临床症状更明显和严重

DRC 公共卫生部对 Mpox 疑似病例的调查发现,所有的 108 例确诊病例均有皮疹,59% 有发热,42% 有淋巴结肿大,9.3% 卧床不起。在调查的 241 例疑似病例中的 134 例的住院病例中,人类免疫缺陷性病毒患者为 34.3%。85% 患者有生殖器病变。这比 MPXV 进化支 II b 毒株引起的 2022 全球 Mpox 病例的临床症状更明显和严重^[1,5]。

在致死性方面,2024 年 DRC 报告的所有疑似病例的数据表明,其中在主要受 MPXV 进化亚支 I a 危害疫区省份的 CFR 约 3.6%,I a 和 I b 两个亚支共流行的金沙萨省的 CFR 约 0.3%,MPXV 进化亚支 I b 流行的北基伍省和南基伍省约 0.2%^[2]。在 2023 年 1 月 1 日至 2024 年 4 月 14 日期间,DRC 的 50% Mpox 疑似病例报告来自赤道附近的省份,而且其报告的 CFR 为 5.7%,也高于该国其他地区报告的 4.3%^[2]。尽管 CFR 估计值存在差异,但都比 MPXV 进化亚支 II b 引起 2022 全球 Mpox 的危害大的多。

3.2.2 感染人群谱扩大,并引起妇女特殊症状与儿童高死亡率

与 MPXV 进化支 II b 毒株引起的 2022 全球 Mpox 疫情相比,MPXV 进化支 I b 毒株引起的 2024 这波 Mpox 新疫情在感染人群范围方面明显不同,除男男性行为者外,还有大量的妇女和儿童,而且出现了孕妇流产或死产等特殊症状,儿童的发病率和死亡率高等现象^[33]。

在 2023-2024 年南基伍省发生新的疫情之前,没有报告在孕妇中出现 MPXV 进化支 I 毒株病例,后在这波新疫情中 8 名确诊感染 MPXV 进化支 I 毒株的孕妇中,其中 4 人发生流产或死产,胎儿死亡率为 50%,这也证实了 2007-2011 年在 DRC 的 Sankuru 省调查研究。这表明进化支 I 型 MPXV 能够通过胎盘感染胎儿,导致高比例的先天性感染和胎儿丢失病例^[33]。

在中非地区 Mpox 病例的所有年龄组,特别是婴幼儿中,与 MPXV 进化支 I 型毒株相关的 Mpox 病例数一直在逐步上升,其特点是流行病学模式不同,临床症状比进化支 II 型毒株 Mpox 更严重,死亡率更高。虽然在 DRC 东部发生的 MPXV 进化支 I b 型 Mpox 的初始阶段,主要通过性接触传播影响成人,但随着社区聚集性病例的扩大以及病毒在家庭中传播,其主要影响成人和儿童,反映出通过密切身体接触可导致更广泛的社区传播。此外,从年龄和性别分布的变化中可以看出,与 Mpox 流行的早期相比,受影响的儿童比例有所增加,特别是在确诊病例中。DRC 的 Mpox 流行省(连续五年报告 Mpox)的确诊病例的年龄和性别分布更接近总体人口的年龄和性别分布,其中在这些省报告受影响最严重的是儿童。在 2024 年报告的 7000 多例疑似病例中,病死率为 5.3%。而且,小于 15 岁的儿童占疑似病例的 67%,占死亡的 84%,其中 1 岁以下儿童的死亡率是 15 岁以上的 4 倍^[1]。

在布隆迪,至少 94% 的卫生区报告了 Mpox 病例,但疫情仍主要集中在布琼布拉和首都基特加及其周围^[2]。在 2024 年 7-8 月间,该地区 Mpox 病例的年龄分布呈双峰分布,5 岁以下的幼儿和青壮年发病率较高,其中在年龄分布上 19 岁以下的 Mpox 病例占 63.04%,而 20-49 岁的占 35.31%;在性别方面,男性占 54.13%,女性占 45.87%。总之,这种情况与 DRC 南基伍省的总体情况类似。

3.3 Mpox 传播方式多样性与涉及人群范围的广泛性

据报告,家庭传播、社区传播和性接触传播都有助于 2024 这波 Mpox 疫情的传播,然而每种 Mpox 传播方式的相对贡献度尚不清楚^[2,4]。在非洲各国的 Mpox 流行病学调查发现,认为 MPXV 进化支 I 型毒株感染人与家庭传播、社区传播和性接触传播均有关,并涉及较广泛的人群范围,与 2022 全球 Mpox 疫情的男男性行为接触的人际间传播有很大的不同。在 DCR 报告的 Mpox 病例的人群结构特征和病毒遗传多样性的地理差异性表明,有多种传播驱动因素,如不同省份的人与动物共患、家庭内部成员或性行为传播,而导致复杂的流行病学^[2,4]。在 DRC 南基伍省,报道发生了性传播,观察到 MPXV 进化支 I 毒株的不同谱系,包括持续的人际间传播的遗传标记,以及 MPXV 进化支 I 型毒株特异的 C3 基因在内的非必要基因组片段的缺失^[17],这些基因组结构的改变推测可能导致了 MPXV 的生物学

特性,特别是传播方式和宿主范围的变化。

对来自DRC国家传染病监测系统的数据分析,在2023年1月1日至2024年4月14日期间报告了包括进化支I毒株Mpox疑似病例1.99万例和975例(4.9%)死亡病例,其流行特征主要为男男性行为者、男女性职业工作者及其接触者之间发生了MPXV进化支I毒株感染的性传播,危害人群为青壮年成人^[34]。而且,67%的疑似病例和78%以上的死亡病例发生在年龄小于15岁的人群中,其中1-5岁儿童占有所有疑似病例的28%^[1,4]。此外,DRC各省患者的人口统计学特征存在不同,其中在一些赤道附近的省份,69%疑似病例主要发生在年龄小于15岁的人群中,而在其他省份如南基伍省和金沙萨省,年龄大于15岁的人群占的病例比例最大^[2,4]。同时在DRC金沙萨进一步调查发现,最近有关MPXV进化支I a谱系可能存在性网络中持续的人际间传播的迹象,这进一步提示性接触传播的重要性和危害性。

在DRC北基伍省戈马市也报告了首起MPXV进化支I b的系列病例,并对9例Mpox确诊病例进行流行病学调查,发现存在家庭内未报告的具有感染症状的潜在接触者^[35]。此外发现儿童之间通过公共游乐区存在接触传播的可能性,而且儿童和照顾者以及成人的MPXV进化支I b毒株的感染超出了性接触感染的风险,这表明存在包括儿童病例在内的非性行为接触传播^[35]。此外,最近证实MPXV进化支I b病毒感染范围的进一步扩大,并在一个流离失所者场所首次发现病例,这加大了人们对疫情在高度脆弱人群中迅速扩大的担忧,对公共卫生安全造成巨大挑战^[35]。总之,这些情况说明,MPXV进化支I b疫情可由多种传播方式引起,并导致感染的人群范围扩大。

4 展望

目前,在世界范围,特别是在非洲地区国家,Mpox既有在人际间暴发流行的由MPXV进化亚支II b毒株谱系造成的2022全球性疫情以及由亚支I b毒株谱系造成的2024多国疫情,也有进化亚支I a和II a毒株谱系引起的人际间传播流行,还有进化亚支I a和II a毒株造成的在动物与动物以及动物与人间的隐秘感染和流行^[4,30];其次,在WHO宣布的2次PHEIC中,其中2024新一波Mpox多国疫情比2022全球性疫情的传播方式更多、波及人群范围更广、致病性更强,所导致的公共卫生安全以及国际性威胁和危害的风险更大;第三,Mpox在人际间传

播的MPXV进化亚支I b和II b毒株分别是由进化亚支I a和II a毒株进化而来,其早已在广泛的未知动物种中存在,通过在人间适应后才在人类间传播流行,因而野生啮齿类和灵长类动物是公共卫生风险最直接的可能来源^[1,36]。第四,虽然Mpox的防控有天花根除的理论、经验和技术基础可作为借鉴和技术支撑,但由于天花病毒仅感染人,宿主范围有限,而MPXV的宿主范围广,要控制、净化和根除Mpox比天花困难的多;第五,在过去的3年中,我国既输入性感染和隐秘性传播了MPXV进化亚支II b毒株Mpox^[1,37,38],最近又确认存在输入性进化亚支I b病例及其密切接触的二代病例疫情^[3],虽均已得到了有效控制,但是否已在我国人群中隐秘流行,能否外逸到包括宠物在内的其他动物群体中,尚不得而知^[14]。总之,Mpox已对世界各国构成了直接的危害和威胁,因此要按照“同一个健康”的理念,既要加强对人际间Mpox疫情的监测,也要加强对伴侣动物、家养动物以及非人灵长类和啮齿类动物宿主Mpox疫情的监测,关口前移从动物源头阻断MPXV的不断逸出、传播和暴发流行。

作者贡献声明

景伟、陈国华:方案设计,初稿写作;房永祥、何小兵:形式分析;景志忠:方案设计,审查和编辑写作,监督指导,获取资助

作者利益冲突公开声明

作者声明没有任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献:

- [1] 景伟,何小兵,房永祥,等.猴痘I型毒株疫情流行新态势及其公共卫生风险应对策略与建议[J].病毒学报,2024,40(06):1221-1229. DOI: 10.13242/j.cnki.bingduxuebao.004593.
- [2] WHO. Mpox: Multi-country External Situation Report no. 44 [OL]. (2024-11-30) [2025-01-15]. <https://www.who.int/publications/m/item/multi-country-outbreak-of-mpox--external-situation-report-44---23-december-2024>
- [3] 中国疾病预防控制中心.我国发现一起猴痘病毒Ib亚分支聚集性疫情[OL].(2025-01-09)[2025-01-15]. https://www.chinacdc.cn/jkkp/crb/ycr/202501/t20250109_303769.html. 2025.01.09
- [4] WHO. 2022 - 24 Mpox (monkeypox) outbreak: global trends [EB/OL]. (2024-11-21) [2024-12-30]. World Health Organization. https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/#2_Global_situation_update

- [5] Mani S, Ganesan A, Arunagiri T, et al. Epidemiology, virology, and mutation landscape of monkeypox virus from past to present [J]. *Cureus*, 2024, 16(8): e67872. DOI:10.7759/cureus.67872.
- [6] Bunge EM, Hoet B, Chen L, et al. The changing epidemiology of human monkeypox-a potential threat? A systematic review[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2022, 16 (2) : e0010141. DOI: 10.1371/journal.pntd.0010141.
- [7] 王雪琛,李涛,王慧,等. 猴痘病毒的研究进展概述[J]. *病毒学报*, 2024, 40(01): 169-182. DOI:10.13242/j.cnki.bingduxuebao.004440.
- [8] Kaler J, Hussain A, Flores G, et al. Monkeypox: a comprehensive review of transmission, pathogenesis, and manifestation[J]. *Cureus*, 2022, 14(7): e26531. DOI:10.7759/cureus.26531.
- [9] Yinka-Ogunleye A, Aruna O, Ogoina D, et al. Reemergence of human monkeypox in *Nigeria*, 2017 [J]. *Emerg Infect Dis*, 2018, 24(6): 1149-1151. DOI: 10.3201/eid2406.180017.
- [10] Tang H, Zhang A. Human mpox: Biology, epidemiology, therapeutic options, and development of small molecule inhibitors[J]. *Med Res Rev*, 2023, 43 (4): 1019-1037. DOI:10.1002/med.21943.
- [11] Sklenovská N, Van Ranst M. Emergence of monkeypox as the most important orthopoxvirus infection in humans[J]. *Front Public Health*, 2018, 6: 241. DOI:10.3389/fpubh.2018.00241.
- [12] Khamees A, Awadi S, Al-Shami K, et al. Human monkeypox virus in the shadow of the COVID-19 pandemic [J]. *J Infect Public Health*, 2023, 16 (8) : 1149-1157. DOI:10.1016/j.jiph.2023.05.013.
- [13] WHO. Multi-country Monkeypox Outbreak in Non-endemic Countries. (2022-05-21) [2024-12-30]. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON385>
- [14] 景伟,房永祥,何小兵,等. 猴痘流行现状与外溢动物风险及我国的防控策略和措施[J]. *中国兽医科学*, 2024, 54 (01) : 101-108. DOI: 10.16656/j.issn.1673-4696.2023.0213.
- [15] Charniga K, McCollum AM, Hughes CM, et al. Updating reproduction number estimates for Mpox in the Democratic Republic of Congo using surveillance data [J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2024, 110(3): 561-568. DOI:10.4269/ajtmh.23-0215.
- [16] Vakaniaki EH, Kacita C, Kinganda-Lusamaki E, et al. Sustained human outbreak of a new MPXV Clade I lineage in eastern Democratic Republic of the Congo[J]. *Nat Med*, 2024, 30(10): 2791-2795. DOI:10.1038/s41591-024-03130-3.
- [17] Masirika LM, Udaheureka JC, Schuele L, et al. Ongoing mpox outbreak in Kamituga, South Kivu province, associated with monkeypox virus of a novel Clade I sub-lineage, Democratic Republic of the Congo, 2024 [J]. *Euro Surveill*, 2024, 29 (11) : 2400106. DOI:10.2807/1560-7917.ES.2024.29.11.2400106.
- [18] Masirika LM, Kumar A, Dutt M, et al. Complete genome sequencing, annotation, and mutational profiling of the novel Clade I human Mpox virus, kamituga strain[J]. *J Infect Dev Ctries*, 2024, 18(4): 600-608. DOI:10.3855/jidc.20136.
- [19] McQuiston JH, Luce R, Kazadi DM, et al. U. S. preparedness and response to increasing Clade I Mpox cases in the Democratic Republic of the Congo - United States, 2024 [J]. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*, 2024, 73(19): 435-440. DOI: 10.15585/mmwr.mm7319a3.
- [20] Cevik M, Tomori O, Mbala P, et al. The 2023 - 2024 multi-source mpox outbreaks of Clade I MPXV in sub-Saharan Africa: Alarm bell for Africa and the World[J]. *IJID Reg*, 2024, 12: 100397. DOI: 10.1016/j.ijregi.2024.100397.
- [21] WHO. WHO Director-General declares Mpox outbreak a public health emergency of international concern[EB/OL]. (2024-08-14) [2024-12-30]. <https://www.who.int/news/item/14-08-2024-who-director-general-declares-Mpox-outbreak-a-public-health-emergency-of-international-concern>.
- [22] Okwor T, Mbala PK, Evans DH, et al. A contemporary review of Clade-specific virological differences in monkeypox viruses [J]. *Clin Microbiol Infect*, 2023, 29 (12) : 1502-1507. DOI: 10.1016/j.cmi.2023.07.011.
- [23] Schwartz DA, Pittman PR. Mpox (monkeypox) in pregnancy: viral clade differences and their associations with varying obstetrical and fetal outcomes[J]. *Viruses*, 2023, 15(8): 1649. DOI:10.3390/v15081649.
- [24] Forni D, Cagliani R, Molteni C, et al. Monkeypox virus: The changing facets of a zoonotic pathogen[J]. *Infect Genet Evol*, 2022, 105: 105372. DOI:10.1016/j.meegid.2022.105372.
- [25] Americo JL, Earl PL, Moss B. Virulence differences of Mpox (monkeypox) virus Clades I, IIa, and IIb. 1 in a small animal model [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2023, 120 (8) : e2220415120. DOI: 10.1073/pnas.2220415120.

- [26] Kinganda-Lusamaki E, Amuri-Aziza A, Fernandez-Núñez N, et al. Clade I Mpox virus genomic diversity in the Democratic Republic of the Congo, 2018-2024: Predominance of zoonotic transmission[J]. *Cell*, 2025, 188(1): 4-14. e6. DOI:10.1016/j.cell.2024.10.017.
- [27] Berthet N, Descorps-Declère S, Besombes C, et al. Genomic history of human monkey pox infections in the Central African Republic between 2001 and 2018[J]. *Sci Rep*, 2021, 11(1): 13085. DOI:10.1038/s41598-021-92315-8.
- [28] Yu X, Shi H, Cheng G. Mpox virus: its molecular evolution and potential impact on viral epidemiology[J]. *Viruses*, 2023, 15(4): 995. DOI: 10.3390/v15040995.
- [29] Otieno JR, Ruis C, Onoja AB, et al. Global genomic surveillance of monkeypox virus[J]. *Nat Med*, 2025, 31: 342-350. DOI:10.1038/s41591-024-03370-3.
- [30] Parker E, Omah IF, Varilly P, et al. Genomic epidemiology uncovers the timing and origin of the emergence of Mpox in humans[J]. *medRxiv*, 2024: 2024.06.18.24309104. DOI: 10.1101/2024.06.18.24309104.
- [31] Masirika LM, Nieuwenhuijse DF, Ndishimye P, et al. Mapping the distribution and describing the first cases from an ongoing outbreak of a new strain of Mpox in South Kivu, eastern Democratic Republic of Congo between September 2023 to April 2024 [EB/OL]. *medRxiv*, 24307057. <https://doi.org/10.1101/2024.05.10.24307057>
- [32] Masirika LM, Udaheureka JC, Ndishimye P, et al. Epidemiology, clinical characteristics, and transmission patterns of a novel Mpox (Monkeypox) outbreak in eastern Democratic Republic of the Congo (DRC): an observational, cross-sectional cohort study [EB/OL]. *medRxiv*, 24303395. <https://doi.org/10.1101/2024.03.05.24303395>
- [33] Schwartz DA. High rates of miscarriage and stillbirth among pregnant women with Clade I Mpox (monkeypox) are confirmed during 2023-2024 DR Congo outbreak in South Kivu Province[J]. *Viruses*, 2024, 16(7): 1123. DOI:10.3390/v16071123.
- [34] Kibungu EM, Vakaniaki EH, Kinganda-Lusamaki E, et al. Clade I-associated mpox cases associated with sexual contact, the Democratic Republic of the Congo [J]. *Emerg Infect Dis*, 2024, 30(1): 172-176. DOI: 10.3201/eid3001.231164.
- [35] Mukadi-Bamuleka D, Kinganda-Lusamaki E, Mulopo-Mukanya N, et al. First imported cases of MPXV clade Ib in Goma, Democratic Republic of the Congo: implications for global surveillance and transmission dynamics[J]. *medRxiv*, 2024: 2024.09.12.24313188. DOI:10.1101/2024.09.12.24313188.
- [36] 陈召亮,张磊,李林芝,等. 猴痘病毒感染动物模型及传播途径研究综述[J]. *病毒学报*, 2025, 41(02): 361-373. DOI:10.13242/j.cnki.bingduxuebao.240272.
- [37] 裴建新,吴长城,张银豪,等. 宁夏首例猴痘病毒测序及全基因组序列特征分析[J]. *病毒学报*, 2024, 40(04): 779-786. DOI:10.13242/j.cnki.bingduxuebao.004539.
- [38] 张慧,王彪,张晓曙,等. 甘肃省前3例猴痘病例流行病学特点和基因组序列特征分析[J]. *病毒学报*, 2025, 41(02): 354-360. DOI: 10.13242/j.cnki.bingduxuebao.240122.

Epidemic Dynamics, Genetic Subclades of MPXV, and Challenges to Public Health Security

JING Wei^{1,2,3#}, CHEN Guohua^{1,2,3#}, FANG Yongxiang^{1,2,3}, HE Xiaobing^{1,2,3}, JING Zhizhong^{1,2,3*}

(1. State Key Laboratory for Animal Disease Control and Prevention/Lanzhou Veterinary Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730046, China; 2. Gansu Province Research Center for Basic Disciplines of Pathogen Biology, Lanzhou 730046, China; 3. Key Laboratory of Veterinary Public Health of Ministry of Agricultural and Rural Affairs, Lanzhou 730046, China)

Abstract: Monkeypox (Mpox) is a viral zoonotic disease caused by infection with the monkeypox virus (MPXV), characterized by fever, rash, and lymphadenopathy. Over the past three years, it has twice been declared a Public Health Emergency of International Concern (PHEIC) by the World Health Organization (WHO), associated with global outbreaks driven by MPXV subclades II b and I b. MPXV subclade II b has been linked to both imported cases and undetected local transmission in China, affecting at least 25 provinces. More recently, subclade I b has also been introduced into China, resulting in secondary cases through close contact transmission. These events pose significant threats and challenges to national public health security. This paper reviews the epidemic dynamics of MPXV, the genetic evolution and biological characteristics of its major subclades, and the virus's adaptation from animal to human hosts, which facilitates sustained human-to-human transmission. The discussion provides insights into the growing public health risks and offers a scientific basis for Mpox prevention, control, and emergency preparedness.

Keywords: Monkeypox virus (MPXV); Subclade; Epidemic dynamics; Public health risk; Prevention and control

Funding: National Natural Science Foundation Project (No: 32473069), title: Re-recombination and Biological Characteristics of LSDV Vaccine-like Recombinant Epidemic Strain; National Special Project for Animal Epidemic Surveillance and Control (No. 125161031), title: Lumpy Skin Disease Epidemic Surveillance and Control.

#These authors have contributed equally to this work.

** Corresponding author: JING Zhizhong, Email: zhizhongj@163.com*

引用本文: 景伟, 陈国华, 房永祥, 等. MPXV 的流行动态、遗传演化分支及其公共卫生安全挑战[J]. 病毒学报, 2025, 41(03): 652-662. DOI: 10.13242/j.cnki.bingduxuebao.250024

JING Wei, CHEN Guohua, FANG Yongxiang, et al. Epidemic Dynamics, Genetic Subclades of MPXV, and Challenges to Public Health Security[J]. Chin J Virol, 2025, 41(03): 652-662. DOI: 10.13242/j.cnki.bingduxuebao.250024