

南非2型口蹄疫流行动态与传入风险分析

张津铭¹, 马维民¹, 丁耀忠¹, 吕律¹, 张向乐¹, 刘永杰¹, 杨亚民¹, 杨帆^{1,2}, 郭建宏^{1,2}, 朱紫祥^{1,2}, 刘湘涛¹, 郑海学^{1,2}, 何继军^{1,2*}

(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. 兰州大学动物医学与生物安全学院 动物疫病防控全国重点实验室, 兰州 730046)

摘要:口蹄疫(Foot-and-mouth disease, FMD)是由口蹄疫病毒(Foot-and-mouth disease virus, FMDV)引起的一种偶蹄动物烈性传染病。世界动物卫生组织(World Organisation for Animal Health, WOAH)将其列为法定报告的动物传染病,我国将其列为一类动物疫病。FMDV有O、A、Asia 1、C、SAT 1、SAT 2和SAT 3型7种病毒血清型,血清型间无交叉免疫现象。口蹄疫流行具有明显的地域特征,O型口蹄疫广泛分布,SAT 1型、SAT 2型和SAT 3型(合称南非型口蹄疫)主要流行于非洲撒哈拉沙漠以南地区。近年来,南非型口蹄疫病毒突破传统的流行地域,尤其SAT 2型口蹄疫流行极其活跃,表现出跨区域、远距离传播特点,已经从非洲蔓延到西亚、中东地区,从而增大了我国暴发SAT 2型口蹄疫的风险,严重威胁着我国畜牧业生产安全。为跟踪SAT 2型口蹄疫流行动态,评估其传入风险,本文在系统整理SAT 2型口蹄疫流行历史和现状的基础上,结合近年来境外口蹄疫传入我国的案例,分析了SAT 2型口蹄疫可能传入的路线,并提出了防控建议,旨在为我国防控SAT 2型口蹄疫提供参考。

关键词:口蹄疫;南非2型;风险分析

中图分类号:S851.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1000-8721(2025)05-1685-06

DOI:10.13242/j.cnki.bingduxuebao.004601

FMD(Foot-and-mouth disease, FMD)在全球范围内广泛传播,具有流行范围广、传播速度快、血清型多、发病率高等特点,对畜牧业发展和国际贸易造成极大影响。我国紧临口蹄疫“国际流行长廊”,境外流行毒株持续传入我国,给我国口蹄疫防控带来巨大压力。2022-2023年,引起全球高度关注的口蹄疫事件是SAT 2/XIV拓扑型毒株在伊拉克、约旦和土耳其、巴林、阿曼等国家检出,在中东地区污染面有扩大趋势,传入中亚和我国周边地区的风险正在增加。回顾境外口蹄疫传入我国历史事件,并结合SAT 2型口蹄疫流行现状可以发现,中东地区SAT 2型口蹄疫传入我国的风险正在升高。因此,对SAT 2型口蹄疫的流行趋势进行密切监控,并提前进行诊断技术的研发与疫苗的储备工作,对于确保我国畜牧业的安全运行至关重要。

1 全球口蹄疫流行总体形势

1.1 口蹄疫疫情情况

口蹄疫流行极其广泛,先后在全球100多个国家和地区报道^[1]。世界动物卫生组织(World Organisation for Animal Health, WOAH)估计全球77%以上的牲畜受到口蹄疫病毒感染^[2]。据WOAH全球动物健康信息系统(World Animal Health Information System, WAHIS)数据显示,口蹄疫在亚洲、非洲、南美洲以及中东等地区广泛流行。2013-2023年间,全球累计报告口蹄疫疫情1300次(表1),其中非洲和亚洲报告1281次(占比98.5%),为口蹄疫流行重灾区^[3]。当前,全球范围内口蹄疫的流行态势是,发达国家继续保持无口蹄疫地位,发展中国家仍在遭受口蹄疫的危害。

WOAH与联合国粮食及农业组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)依据流行病学特征及地缘因素,将全球口蹄疫流行区域划分为7个流行圈(Pool),其中3个位于亚洲与欧洲部分地区(Pool 1~3)、3个区域位于非洲(Pool 4~6)、Pool 7位于南美洲^[4]。从血清型来看,O型和A型分布最广,在7个区域均有分布;Asia 1型仅在亚洲地区流行;SAT 1型和SAT 2型主要在Pool 4(东非)、Pool 5(西非)和Pool 6(南非)流行;SAT 3型主要在Pool 4(东非)和Pool 6(南非)流行;C型口蹄疫自2004年之后,全球已有20年无疫

收稿日期:2024-06-22; **接受日期:**2024-08-17

基金项目:1. 国家重点研发计划项目(项目号:2021YFD1800300),题目:口蹄疫病毒的分子流行病学与传播机制;2. 国家重点研发计划项目(项目号:2021YFD1800500),题目:动物疫病口岸检疫与风险防范技术研发及应用;3. 甘肃省联合科研基金重点项目(项目号:23JRRRA1515),题目:口蹄疫病毒变异的机制研究。

作者简介:张津铭(1999-),男,从事动物流行病学研究, Email: 2418682848@qq.com

***通信作者:**何继军(1979-),男,研究员,从事重大动物疫病防控技术研究, Email: hejijun@caas.cn

表 1 2013 年至 2023 年全球口蹄疫疫情报告统计
Table 1 Global foot-and-mouth disease epidemic report statistics from 2013 to 2023

Year	Africa	America	Asian	Europe	Total
2013	56	1	60	2	119
2014	69	0	61	2	132
2015	69	0	63	2	134
2016	67	0	64	2	133
2017	67	2	59	2	130
2018	76	1	64	1	142
2019	72	0	56	1	129
2020	57	0	48	1	106
2021	56	0	52	1	109
2022	53	0	44	1	98
2023	43	0	25	0	68
Total	685	4	596	15	1300

注：单位：例。数据来源：WAHIS, <https://wahis.woah.org/#/dashboards/country-or-disease-dashboard>, 2024.6。

Notes: Unit of measurement: case. Source: WAHIS, <https://wahis.woah.org/#/dashboards/country-or-disease-dashboard>, 2024.6。

情报告。

1.2 口蹄疫疫情防控情况

口蹄疫的防控策略,主要包括扑杀感染动物、疫苗免疫、限制动物移动、流行病学监测和预警风险分析等。各国也根据本国内的疫情状态与经济情况,实施因地制宜的策略,如扑灭根除策略、免疫控制策略和综合防控策略^[5]。例如,2007 年、2010 年英国暴发口蹄疫后,采取了扑灭根除策略,快速扑灭了疫情并恢复了无疫状态。以巴西为代表的南美国家,采取免疫控制策略,取得了无疫区地位^[6]。

2009 年,FAO 和 OIE 联合提出建设全球跨境动物疫病防控框架(Global Framework for the Progressive Control of Transboundary Animal Diseases, GF-TADs)倡议,2012 年制定发布全球 FMD 渐进式控制计划(The Progressive Control Pathway for Foot-and-mouth disease control, PCP-FMD),目的在于帮助流行国家逐渐降低口蹄疫影响,最终达到非免疫无疫^[7]。WOAH 每年 5 月份发布成员国口蹄疫状态^[8],截止 2024 年 5 月,有 69 个国家通过非免疫无疫认证,2 个国家(巴拉圭和乌拉圭)通过免疫无疫认证,10 个国家建有非免疫无疫区,8 个国家建有免疫无疫区。然而,全球口蹄疫的频繁发生和不稳定性,无疑凸显了该疾病防控及根除工作的长期性和复杂性。

中国自 2001 年起实施疫苗强制免疫措施以来,口蹄疫防控取得了显著成效。2005-2023 年,向

WOAH 报告口蹄疫疫情 180 次,疫情次数逐年降低^[3]。2015 年,我国口蹄疫官方控制计划获得 WAOH 认可。依据 PCP-FMD 评估原则,我国总体上处于 PCP 第 3 至第 4 阶段,主要实施控制流行的控制措施,减少病毒循环,维持无疫,防范境外毒株传入^[2, 5]。

2 南非 2 型口蹄疫流行动态

口蹄疫的流行呈现明显的地域性。历史上南非型口蹄疫(包括 SAT 1 型、SAT 2 型和 SAT 3 型)仅流行于非洲。但是,近年来南非型口蹄疫病毒逐渐突破传统的流行地域,尤其 SAT 2 型口蹄疫流行极其活跃,表现出跨区域传播特点,已经从非洲蔓延到西亚、中东地区,给我国口蹄疫防控带来巨大压力,需密切关注其流行动态。

2.1 南非型口蹄疫疫情流行情况

南非型口蹄疫主要流行于非洲,通常仅限于撒哈拉以南的地区。非洲口蹄疫从未间断,目前依然是口蹄疫流行严重地区^[9]。SAT 型具有较为显著的遗传变异、抗原变异和区域差异性。通过对 FMDV 主要功能基因 VP1 测序鉴定, SAT 1 型 FMDV 有 13 个拓扑型; SAT 2 型存在更复杂的抗原变异,共有 14 个拓扑型; SAT 3 相对稳定,有 5 个拓扑型,引发疫情次数较少,流行面有限^[10]。

非洲国家口蹄疫流行普遍严重,防控进程不同,差距较大。博茨瓦纳和南非等国多年来通过疫苗成功控制了口蹄疫,但 2011 年这两个国家都在口蹄疫无疫区发生了 SAT 型口蹄疫疫情^[3]。2021 年,西非的马里发生口蹄疫疫情,经英国 Pirbright 研究所测序确认为 SAT 2/VII 拓扑型毒株,经流行病学调查显示与中非共和国的跨界动物流动增加有关^[11]。2022 年 3 月 21 日,南非向 WOA H 报告,该国口蹄疫非免疫无疫区内的 North West 省一家农场于 3 月 2 日发生 SAT 2 型口蹄疫,涉及 1600 头牛,其中 1100 头牛发病^[12]。2023 年 5 月 25 日,科摩罗向 WOA H 报告,该国大科摩罗岛(Njazidja)发生 SAT 1 型口蹄疫,涉及易感动物有 78 头牛,其中发病牛 63 头,死亡牛 15 头,流行毒株为 SAT 1 型拓扑型 I 毒株,与 2014 年坦桑尼亚流行的毒株同源性在 93% 以上^[13]。

SAT 型在非洲以外的传播并非没有先例。早在 1962 年,巴林发生 SAT 1 型疫情,在几个月内,病毒已经传播到伊朗、伊拉克、以色列、约旦、黎巴嫩、叙利亚、土耳其和希腊等国家^[14]。SAT 2 型口蹄疫主要局限在非洲南部国家,极少在其他国家和地区流行,但在 2012 年 2 月,北非国家埃及和利比亚等

发生SAT 2型疫情,近10万头牲畜感染,发生疫情的农场距离埃及边境仅3公里。这一传播事件引起了全球广泛关注,所幸未造成大规模扩散^[15]。

2.2 SAT 2型口蹄疫流行状况

SAT 2型口蹄疫主要流行于撒哈拉以南非洲(Sub-saharan Africa, SSA)。SSA是一个巨大的地理区域,该地区广泛分布的开普敦水牛是SAT 2型口蹄疫病毒主要的宿主之一^[16]。由于SSA的文化、生产方式以及野生动物的多样性,口蹄疫在该地区具有显著的流行因素差异。2016年,Brito等^[17]在南非赞比西区(KAZA)和林波波区(GL)两大野生动物保护区交界处开展研究,重点关注了野生水牛与家养牛之间口蹄疫的传播动态,研究表明,SAT 2型口蹄疫病毒偶尔会从KAZA传播到GL,家畜的暴发源头通常是野生水牛,部分情况下家牛也会作为传染源传播给野生水牛。2019年,Lycett等^[18]基于334个来自非洲的SAT 2型口蹄疫序列,进行时间分辨的系统地理分析,系统发生树结果显示SAT 2型口蹄疫的起源甚早,可以追溯到数百甚至数千年前的非洲野生动物。

2012年以前,SAT 2型口蹄疫仅局限于SSA地区。2012年2月,北非国家埃及和利比亚暴发SAT 2型疫情^[19]。同年4月19日,巴勒斯坦加沙地带(Gaza strip)拉法镇(Rafah)一农场发现SAT 2型口蹄疫疫情,共有3头牛感染。SAT 2型口蹄疫首次在SSA地区外出现,值得各国警惕。联合国粮农组织首席兽医官表示,如果SAT 2型毒株继续在中东地区扩散,将迅速威胁到海湾地区、南欧、东欧乃至更远的地区^[20]。

根据WAHIS与WRLFMD(世界口蹄疫参考实验室)的数据,2012年至2022年SAT 2型口蹄疫每年均有发生,例如,2012年8月,肯尼亚一个大型奶牛场暴发SAT 2型口蹄疫疫情,有60%(400/644)以上的奶牛被感染,疫情持续近1个月^[21]。2013年至2014年间,在南非姆普马兰加省(Mpumalanga)保护区内免疫牛中暴发了SAT 2型口蹄疫疫情,Belinda等^[22]人通过对SAT 2型FMDV进行系统发育分析与血清学分析,证实了SAT 2型FMDV出现了新的基因型,这表明口蹄疫在南非的野生动物与家畜之间的传播出现了新的变异。2015年,阿曼发生口蹄疫疫情,经检测确定为SAT 2型Alx-12拓扑型毒株,其与2014年埃塞俄比亚的毒株同源性达98%以上^[23]。2012年至2022年间,除亚洲的阿曼发生疫情外,SAT 2型口蹄疫仍旧集中在SSA地区,

流行状态相对平稳。

2022-2023年,多个亚洲国家发生SAT 2型口蹄疫疫情。约旦Salalah市(2023.1)与伊拉克南部Al-Muthanna省(2023.3)暴发了口蹄疫疫情,经检测确认为SAT 2型口蹄疫^[24]。2023年3月,土耳其厄德尔市(Iğdır)的动物饲养员在新引入到农场的牛身上观察到口蹄疫症状。随后,官方兽医在4头牛身上发现了口部病变。附近省份也相继报道口蹄疫疫情,总计有58只牲畜被感染(53头牛,5只绵羊)。疫情发生后,疫区10公里内的易感动物都将被接种疫苗^[25]。经WRLFMD分析,引起约旦、伊拉克和土耳其疫情的毒株均为SAT 2型XIV拓扑型毒株,同源性98%以上,序列比对显示与2022年在埃塞俄比亚收集的SAT 2型毒株密切相关^[24, 25]。这表明SAT 2型毒株已经有向中东、西亚扩散的动向。

综合来看,SAT 2型口蹄疫在亚洲7个国家有流行史,分别为沙特阿拉伯(2000年)、巴勒斯坦(2012年)、巴林(2012年、2023年)、阿曼(2015年、2023年)和伊拉克、约旦、土耳其(2023年)^[26]。截至2024年5月,暂无其他亚洲国家报告SAT 2型疫情,但中东地区和中亚国家贸易往来频繁,SAT 2型疫情扩展蔓延的风险极高。SAT 2型口蹄疫正在突破传统的流行地域,扩散流行到中亚、南亚等我国周边国家和地区的风险正在增加,需高度关注。

3 境外口蹄疫传入我国事件

回顾我国口蹄疫流行历史,2000年以后引起大流行的毒株均来自于境外^[27]。口蹄疫病毒分子溯源结果显示,2005年Asia 1型GV、2009年A型Sea-97 G1、2010年O型Mya-98、2011年O型PanAsia、2013年A型Sea-97 G2、2017年O型Ind-2001毒株均与同时期境外流行毒株遗传关系密切,均由境外传入^[28]。例如,2010年引起我国大流行的O型Mya-98毒株(代表毒株CHA/31/2010,登录号JF792356),经与世界口蹄疫参考实验室联合溯源,和东南亚国家如越南、缅甸、泰国等流行毒株同源性98.4%以上^[29]。可以推测,我国Mya-98毒株来源于东南亚国家。再如,2017年O/Ind-2001毒株在新疆首次引发疫情(代表毒株XJBC/CHA/2017,登录号KY696708),迅速成为我国牛羊群感染的优势毒株,通过VP1序列比较显示我国O/Ind-2001毒株和印度、孟加拉国、越南、韩国和俄罗斯等2012-2017年早间毒株序列同源性在92%~99%之间,属于高度同源,其源头在境外^[27, 30]。

综合分析,已传入毒株及对我国形成威胁的外

来口蹄疫毒株,主要来自东南亚、南亚和西亚-中东等地区(即 WOAHA 划分的 pool1、pool2 和 pool3 地区)。该 3 个区域是目前全球口蹄疫发生最为频繁的地区,主要流行 O 型和 A 型。各区域既有特有的流行毒株,又有跨区域传播而来的外来毒株,多毒株叠加流行,导致病毒变异株不断出现,频繁引发大流行,对我国口蹄疫防控造成持续威胁。

上述地区中,风险最高的是东南亚地区。东南亚区域内多数国家边界相连,人流物流跨境流动频繁,但区域内国家经济发展水平、养殖结构和数量等差异较大,导致东南亚地区口蹄疫控制复杂而艰巨。我国与东南亚很多国家山水相连,人员、货物、动物及动物产品贸易往来紧密且频繁,因此,防范东南亚地区口蹄疫毒株传入是我国边境防控的重中之重。

4 可能传入路线及防控建议

中东、西亚、南亚和东南亚地区是口蹄疫的重疫区,流行历史久远,疫情频繁发生,流行毒株复杂,流行国家防疫能力普遍薄弱,在贸易不断发展,尤其是价值链驱动下,活畜及畜产品移动(包括非法移动)广泛,为口蹄疫跨地域传播创造了条件。据此推测,2022-2023 年流行于中东地区的 SAT 2 型口蹄疫向东扩散,如果经伊朗突破阿富汗、巴基斯坦进入南亚,将会在东南亚及东亚地区引起大流行。一旦传入我国,将给我国养殖业造成巨大的损失。

结合 SAT 2 型口蹄疫流行现状和我国口蹄疫流行历史分析,SAT 2 型口蹄疫传入我国的路线可能有 4 条:一是“巴中路线”,土耳其和伊拉克等国家 SAT 2 型口蹄疫向东扩散,引起伊朗、阿富汗和巴基斯坦等国家发生疫情,经巴基斯坦传入我国。二是“中东-南亚-东南亚-中国路线”,SAT 2 型口蹄疫向东、向南扩散,引起南亚(主要是印度)流行,进一步传入东南亚,进而传入我国。三是“海上路线”,阿曼等海湾国家在 2023 年也报道发生了 SAT 2 型疫情,可能经阿拉伯海、印度洋和孟加拉湾等路线传播,引起我国发生疫情。四是“空中路线”,疫情随人流物流传播直接传入我国,呈现跳跃性和突发性特点。

为支撑我国 SAT 2 型口蹄疫防控需求,亟需开展南非型口蹄疫尤其 SAT 2 型口蹄疫监测和预警、防控关键技术和产品储备,保障养殖业安全。

第一是加强国际交流,及时掌握 SAT 2 型毒株流行动态。加强国际交流与合作,充分利用 WOAHA/FAO 参考实验室网络等信息交流平台,及

时收集 SAT 2 型口蹄疫流行信息,跟踪 SAT 2 型毒株流行和传播动向,开展风险分析和预警预报。严守国门,对于 SAT 2 型口蹄疫流行国家动物和动物产品等入境从严管控。

第二是加强边境地区监测。建立和完善边境口岸监测体系,持续开展高风险边境地区监测,加强流通环节口蹄疫监测,尤其是动物运输、动物屠宰和散养户等免疫薄弱环节的监测,及时关注口蹄疫毒株在畜群中的感染、流行及变异情况。开展技术培训,培养防范意识,增进地方疫控部门采样监测活动规范性和实验室检测能力,提升早期发现病原的能力。

第三是建立 SAT 2 型口蹄疫识别检测技术和储备针对性的疫苗毒株。由国家口蹄疫参考实验室等技术支撑单位牵头,开展 SAT 2 型口蹄疫诊断技术研究,建立快速检测和鉴别诊断技术。同时,构建候选疫苗种毒,加快 SAT 2 型口蹄疫疫苗研制,加强与世界口蹄疫参考实验室等国外相关科研机构的合作,开展免疫保护效力评价,建立疫苗储备。

作者贡献声明

何继军、马维民、张津铭:方案设计、项目管理;何继军、张津铭、丁耀忠、吕律:形势分析、可视化;何继军、刘永杰、杨帆、杨亚民、马维民:获取资助、监督指导;丁耀忠、杨帆、杨亚民、郭建宏、刘湘涛、郑海学:提供资源;张津铭:初稿写作;何继军、马维民、张向乐、丁耀忠:审查和编辑写作。

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] Sulayeman M, Dawo F, Mammo B, et al. Isolation, molecular characterization and sero-prevalence study of foot - and - mouth disease virus circulating in central Ethiopia[J]. BMC Vet Res, 2018, 14(1): 110. DOI: 10.1186/s12917-018-1429-9.
- [2] 何继军, 马维民, 吕律, 等. 2017 - 2022 年中国口蹄疫流行状况分析[J]. 微生物学报, 2023, 63(10): 3955-3966. DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20230136.
- [3] WOAHA. Events management. [EB/OL]. (2024-5-18) [2024-05-18]. <https://wahis.woah.org/#/dashboards/country-or-disease-dashboard>.
- [4] OIE/FAO Reference Laboratory Network for FMD. FMDV POOL [EB/OL]. [2024 - 05 - 18]. <https://www.foot-and-mouth.org/#fmdv-pools>.
- [5] 孙映雪, 宋建德, 张秀娟, 等. 2021 年全球口蹄疫流行状况及特点[J]. 中国动物检疫, 2022, 39(12): 50-53. DOI: 10.3969/j.issn.1005-944X.2022.12.010.

- [6] 郭志儒, 金宁一. 2001年英国口蹄疫流行回顾[J]. 中国兽医学报, 2002, 22(1): 80-89. DOI: 1005-4545(2002)01-0080-04
- [7] WOA. The global foot and mouth disease control strategy [DB/OL]. (2021-01-15) [2024-05-18]. <https://www.woah.org/en/document/oie-technical-disease-card-foot-and-mouth-disease/>.
- [8] OIE/FAO Reference Laboratory Network for FMD. WOA-FMD-status [EB/OL]. (2019-5) [2024-05-18]. <https://www.foot-and-mouth.org/#woah-fmd-status>.
- [9] Sirdar MM, Fosgate GT, Blignaut B, et al. Spatial distribution of foot-and-mouth disease (FMD) outbreaks in South Africa (2005 - 2016) [J]. Trop Anim Health Prod, 2021, 53(3): 376. DOI: 10.1007/s11250-021-02807-y.
- [10] Xue Q, Liu H, Zeng Q, et al. The DEAD-box RNA helicase DDX1 interacts with the viral protein 3D and inhibits foot-and-mouth disease virus replication [J]. Virol Sin, 2019, 34(6): 610-617. DOI: 10.1007/s12250-019-00148-7.
- [11] WRLFMD. country-reports-2024 [DB/OL]. (2022-05-16) [2024-05-21]. https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/WRLMEG-2022-00015-MAI-GTR-O-SAT2_001.pdf.
- [12] 中华人民共和国海关总署. 海关总署 农业农村部关于防止南非口蹄疫传入我国的公告. [EB/OL]. (2022-03-29) [2024-05-24]. <http://www.customs.gov.cn/customs/302249/zfxxgk/zfxxgkml34/4273302/index.html>.
- [13] WOA. Comoros-Foot and mouth disease virus (Inf. with)-Follow up report 1 [DB/OL]. (2023-02-28) [2024-05-14]. <https://wahis.woah.org/#/in-review/5036?fromPage=event-dashboard-url>.
- [14] Jo HE, You SH, Choi JH, et al. Evaluation of novel inactivated vaccines for the SAT 1, SAT 2 and SAT 3 serotypes of foot-and-mouth disease in pigs [J]. Virol J, 2019, 16(1): 156. DOI: 10.1186/s12985-019-1262-1.
- [15] EL-Shehawy LI, Abu-Elnaga HI, Rizk SA, et al. Molecular differentiation and phylogenetic analysis of the Egyptian foot-and-mouth disease virus SAT2 [J]. Arch Virol, 2014, 159(3): 437-443. DOI: 10.1007/s00705-013-1825-1.
- [16] McLachlan I, Marion G, McKendrick IJ, et al. Endemic foot and mouth disease: pastoral in-herd disease dynamics in sub-Saharan Africa [J]. Sci Rep, 2019, 9: 17349. DOI: 10.1038/s41598-019-53658-5.
- [17] Brito BP, Jori F, Dwarka R, et al. Transmission of foot-and-mouth disease SAT2 viruses at the wildlife-livestock interface of two major transfrontier conservation areas in southern Africa [J]. Front Microbiol, 2016, 7: 528. DOI: 10.3389/fmicb.2016.00528.
- [18] Lycett S, Tanya VN, Hall M, et al. The evolution and phylodynamics of serotype A and SAT2 foot-and-mouth disease viruses in endemic regions of Africa [J]. Sci Rep, 2019, 9: 5614. DOI: 10.1038/s41598-019-41995-4.
- [19] Ahmed HA, Salem SAH, Habashi AR, et al. Emergence of foot-and-mouth disease virus SAT 2 in Egypt during 2012 [J]. Transbound Emerg Dis, 2012, 59(6): 476-481. DOI: 10.1111/tbed.12015.
- [20] 中国动物卫生与流行病学中心国际兽医事务处. 2012年4-5月全球重大动物疫情综述 [J]. 中国动物检疫, 2012, 29(6): 82-83
- [21] Lyons NA, Alexander N, Stark KD, et al. Impact of foot-and-mouth disease on mastitis and culling on a large-scale dairy farm in Kenya [J]. Vet Res, 2015, 46: 41. DOI: 10.1186/s13567-015-0173-4.
- [22] Blignaut B, van Heerden J, Reininghaus B, et al. Characterization of SAT2 foot-and-mouth disease 2013/2014 outbreak viruses at the wildlife-livestock interface in South Africa [J]. Transbound Emerg Dis, 2020, 67(4): 1595-1606. DOI: 10.1111/tbed.13493.
- [23] Abd MT, Mshary GS, Kadhim AN, et al. The outbreak of foot and mouth disease serotype sat-2 infection in Al-muthanna Province of Iraq [J]. J Vet Physiol Pathol, 2024, 3(1): 7-10. DOI: 10.58803/jvpp.v3i1.36.
- [24] Aslam M, Alkheraije KA. The prevalence of foot-and-mouth disease in Asia [J]. Front Vet Sci, 2023, 10: 1201578. DOI: 10.3389/fvets.2023.1201578.
- [25] WOA. Türkiye (Rep. of)-foot and mouth disease virus (Inf. with)-follow up report 9 [DB/OL]. (2023-05-12) [2024-05-21]. <https://wahis.woah.org/#/in-review/4959>.
- [26] WOA. Event-management. [DB/OL]. (2024-5-18) [2024-06-13]. <https://wahis.woah.org/#/event-management>.
- [27] 何继军, 靳野, 马维民, 等. 外来口蹄疫流行毒株跟踪分析与防控 [J]. 中国动物检疫, 2018, 35(11): 52-55, 61. DOI: 10.3969/j.issn.1005-944X.2018.11.015.
- [28] WRLFMD. Molecular Epidemiology/Genotyping Reports. The OIE/FAO world reference laboratory for foot-and-mouth disease [M]. 2017-2021.
- [29] 何继军, 杨亚民, 马维民, 等. 我国O型 Mya-98 口蹄

疫病毒流行情况与毒株分析[J]. 中国动物检疫, 2014, 31(5): 45-51. DOI: 10.3969/j.issn.1005-944X.2014.05.015.

[30] Qiu Y, Abila R, Rodtian P, et al. Emergence of an

exotic strain of serotype O foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/Ind-2001d in South-East Asia in 2015[J]. Transbound Emerg Dis, 2018, 65(1): e104-e112. DOI: 10.1111/tbed.12687.

Epidemiological Dynamics and Incoming Risk Analysis of SAT 2 Foot - and - mouth Disease

ZHANG Jinming¹, MA Weimin¹, DING Yaozhong¹, LYU Lyu¹, ZHANG Xiangle¹, LIU Yongjie¹, YANG Yamin¹, YANG Fan^{1,2}, GUO Jianhong^{1,2}, ZHU Zixiang^{1,2}, LIU Xiangtao¹, ZHENG Haixue^{1,2}, HE Jijun^{1,2*}

(1. State Key Laboratory for Animal Disease Control and Prevention/Lanzhou Veterinary Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730046, China; 2. College of Veterinary Medicine and Biosafety, Lanzhou University, State Key Laboratory for Animal Disease Control and Prevention, Lanzhou 730000, China)

Abstract: Foot-and-mouth disease (FMD) is a highly contagious disease affecting cloven-hoofed animals, caused by the foot-and-mouth disease virus (FMDV). The World Organisation for Animal Health (WOAH) designates FMD as a notifiable animal infectious disease, while China classifies it as a Class I animal epidemic. In general, FMDV is divided into seven distinct serotypes: O, A, Asia 1, C, and the Southern African Territories (SAT1, SAT2, and SAT 3), with no cross-immunity between them. The spread of FMD exhibits clear geographical patterns. Serotype O of the FMDV is the most widespread globally, whereas the SAT serotypes are primarily restricted to sub-Saharan Africa. However, in recent years, the SAT 2 FMDV has expanded beyond its traditional endemic regions, demonstrating cross-regional and long-distance transmission. It has spread from Africa to West Asia and the Middle East, thereby increasing the risk of SAT 2 outbreaks and posing a serious threat to livestock industries in China. In order to monitor the epidemiological dynamics of the SAT 2 FMDV and evaluate the risk of its introduction into China, this paper provides a comprehensive review of the historical and current epidemiological landscape of SAT 2 FMDV. Drawing upon recent cases of FMDV incursions into China from abroad, this paper analyzes potential pathways through which SAT 2 FMDV might enter the country and offers targeted recommendations for prevention and control measures, aiming to inform and support China's efforts in safeguarding the national livestock industry against SAT 2 FMDV.

Keywords: Foot-and-mouth disease; SAT 2; Risk analysis

Funding: 1. National Key Research and Development Program of China (No. 2021YFD1800300), title: Molecular epidemiology and transmission mechanism of FMDV; 2. National key research and development plan project (No. 2021YFD1800500), title: Development and application of quarantine and risk prevention technology for animal diseases at port; 3. Gansu Province Joint scientific Research Fund Key project (No. 23JRRRA1515), title: Research on the mechanism of mutation of FMDV.

* Corresponding author: HE Jijun, Email: hejijun@caas.cn

引用本文: 张津铭, 马维民, 丁耀忠, 等. 南非 2 型口蹄疫流行动态与传入风险分析[J]. 病毒学报, 2025, 41(05): 1685-1690. DOI: 10.13242/j.cnki.bingduxuebao.004601

ZHANG Jinming, MA Weimin, DING Yaozhong, et al. Epidemiological Dynamics and Incoming Risk Analysis of SAT 2 Foot-and-mouth Disease[J]. Chin J Virol, 2025, 41(05): 1685-1690. DOI: 10.13242/j.cnki.bingduxuebao.004601