

綜論：南非 2 型口蹄疫的疫情近況（2005~2024 年）

李璠*

農業部獸醫研究所

摘要 長久以來，口蹄疫皆是舉世矚目的重要動物傳染病之一。口蹄疫病毒依其抗原性分為 O 型、A 型、C 型、亞洲 1 型 (Asia1)、南非 1 型 (SAT1)、南非 2 型 (SAT2) 及南非 3 型 (SAT3) 等 7 種血清型，其中 C 型口蹄疫近年幾已絕跡。南非 2 型口蹄疫過往僅出現在非洲國家與少數中東國家。2012 年銜接非洲與亞洲大陸的埃及遭到南非 2 型口蹄疫入侵，近年南非 2 型口蹄疫更侵襲數個亞洲國家，疫區似有向東延伸的趨勢。非洲豬瘟、小反芻獸疫、牛結節疹由非洲大陸溢出後向東席捲亞洲國家的殷鑑不遠，南非 2 型口蹄疫的疫區變化值得關注。

關鍵詞：口蹄疫、南非 2 型、血清型、疫情擴散

口蹄疫

口蹄疫 (foot and mouth disease) 是一種傳播力極強的動物傳染病，罹病動物會出現食慾減退、體溫上升、過度流涎的症狀，口腔、鼻鏡、舌、乳頭、蹄部等處出現小水泡；水泡破裂後，患部會轉為糜爛或潰瘍，也可能引發二次性細菌感染。動物往往因蹄部的病變跛行，乳頭的病變可引發乳房炎。由於傳播力甚強，易感動物的族群遭受口蹄疫入侵後，若不曾因感染或接種疫苗而產生免疫力，感染率幾近 100%。幼齡動物感染口蹄疫的死亡率有時可達 100%，成年動物受感染的死亡率低，但依然會造成嚴重的經濟損失 [6]。

口蹄疫感染各種偶蹄類動物，包括豬、牛、水牛、綿羊、山羊、駱駝等家畜；許多野生偶蹄類動物也能感染口蹄疫，而且往往會成為保毒宿主，增加控制與清除口蹄疫的困難。亞洲水牛 (*Bubalus bubalis*) [36]、非洲水牛 (*Syncerus caffer*) [30, 31]、高角羚 (*Aepyceros melampus*) [39]、黠鹿 (*Dama dama*)、紅鹿 (*Cervus elaphus*) [16] 等野生偶蹄類感染口蹄疫病毒後未必會出現病徵。在這些野生動物

中，非洲水牛對非洲地區口蹄疫的保毒與傳播，扮演著重要的角色，感染後攜帶病毒的時間可以長達 5 年 [5]。

一般而言，口蹄疫並不被認為是人畜共通傳染病，但曾有文獻記載人類感染案例 [21]。

口蹄疫病毒

口蹄疫病毒 (foot and mouth disease virus) 屬於微小核糖核酸病毒科 (*Picornaviridae*)、心鵝口瘡病毒亞科 (*Caphthovirinae*) 內的鵝口瘡病毒屬 (*Aphthovirus*)，為一種 RNA 病毒。病毒顆粒的形狀為正二十面體，直徑約 25 nm [7]。微小核糖核酸病毒科在 2020 年以前並未有「亞科 (subfamily)」的分類階層；2021 年起，微小核糖核酸病毒科的病毒重新劃分為 5 個亞科，口蹄疫病毒被分類於「心鵝口瘡病毒亞科」(字首的「ca」與「phtho」取自該亞科內的「*Cardiovirus*」及「*Aphthovirus*」二屬的字根)，依舊屬於鵝口瘡病毒屬 [46]。

口蹄疫病毒的基因體為單股正鏈 RNA，長度約 8,500 個鹼基。口蹄疫病毒基因體攜帶的基因，由 5'

* 抽印本索取作者
農業部獸醫研究所

端起依序為 L、1A (VP4)、1B (VP2)、1C (VP3)、1D (VP1)、2A、2B、2C、3A、3B、3C、3D；其中 VP1、VP2、VP3、VP4 基因為結構蛋白基因，轉譯後的產物共同組成病毒顆粒；3D 基因轉譯後的產物為 RNA 聚合酶 [18]。

口蹄疫的血清型與地理分布

口蹄疫是一個非常古老的動物傳染病，最早的記載可溯自 1514 年。但這個傳染病要等到 19 世紀末的 1897 年才由德國微生物學家菲洛施 (Paul Frosch) 及呂夫勒 (Friedrich Loeffler) 證實它是由口蹄疫病毒所引起的 [47]。

口蹄疫病毒共有 7 種血清型：O 型、A 型、C 型、亞洲 1 型 (Asia1)、南非 1 型 (SAT1)、南非 2 型 (SAT2)、南非 3 型 (SAT3)；若依照分布的區域作為分野，O 型、A 型、C 型、亞洲 1 型統稱為「歐亞血清型 (Euro-Asiatic serotypes)」，南非 1 型、2 型及 3 型統稱為「南非血清型 (South African Territories serotypes)」[3]。口蹄疫病毒的諸種血清型是在 1920 年代至 1950 年代陸續被鑑別出來 [12]，影響血清型別的主要抗原決定位在病毒蛋白 VP1；除了傳統的血清學技術外，由 VP1 基因的核苷酸序列也可以比對出病毒屬於哪一種血清型 [18]。

運用口蹄疫病毒基因體 P1 區域 (帶有 1A、1B、1C、1D 等 4 個結構蛋白基因的區域) 的序列推算，口蹄疫病毒各種血清型大約在 750 年 (95%信賴區間：598 年~978 年) 前開始分道揚鑣；約西元 1265 年 (95%信賴區間：西元 1041 年~西元 1421 年) 演化出歐亞血清型與南非血清型兩支，南非血清型這一個分支約在西元 1561 年 (95%信賴區間：西元 1402 年~西元 1679 年) 進一步演化成南非 1 型、南非 2 型及南非 3 型。如果改用 3D 基因進行演化分析，結果也與用 P1 區域分析頗為相近 [3]。

從全球的地理分布來看，O 型口蹄疫的分布最廣，亞洲、歐洲、南美洲、非洲北部與東部均有其蹤跡；A 型口蹄疫分布的範圍類似。C 型口蹄疫最近的疫情出現在巴西與肯亞，自 2004 年以後已近 20 年沒有新的病例通報 [28]，有可能成為最先絕跡的口蹄疫病毒。亞洲 1 型分佈的區域主要為亞洲與中東。南非

1 型至 3 型主要分布於非洲與中東地區，但南非 2 型的疫區近年有自中東向南亞蔓延的趨勢 [14]。

為便利讀者參閱地理上的相對位置，本文中提及的非洲及中東地區的國家，整理如圖 1。

近期南非 2 型口蹄疫的幅員

關於南非 2 型口蹄疫病毒最早的文獻是 1958 年 Brooksby [12] 撰寫的一篇綜論，記錄了對 1930 年代辛巴威境內口蹄疫病例檢體進行的回溯研究；該研究發現了三個新的口蹄疫血清型，其中之一即是南非 2 型。南非 2 型口蹄疫病毒的基因歧異性較 O 型、A 型與 C 型為高 [38]；對於差異較大的病毒株，21 世紀初期是以「基因型 (genotype)」或「譜系 (lineage)」稱之 [9, 33, 34]，2013 年起始有文獻 [23] 以地理型 (topotype) 進行分型。南非 2 型目前分為 14 個地理型，依序以羅馬數字記為第 I 至第 XIV 地理型；至於口蹄疫病毒株的命名，則依血清型、地理型、譜系依序標註，中間以斜線區隔。例如某個南非 2 型、屬於第 III 地理型、東非譜系的口蹄疫病毒株，可以命名為「SAT2/III/East Africa」[44]。

進入 21 世紀以來，南非 2 型口蹄疫主要流行的病毒株屬於第 VII 地理型，但肯亞 [30, 31, 42]、普隆地 [13] 在 2009 年、2016 年發現的病毒株屬於第 IV 地理型。另外，肯亞於 2007 年至 2010 年 [41]、蘇丹於 2008 年、衣索比亞於 2010 年 [42] 曾發現第 XIII 地理型。

世界動物衛生組織疫情資訊系統 (World Animal Health Information System, WAHIS) [45] 目前可以檢索的動物疫情資料，均為 2005 年以後的資料。為了追溯近年南非 2 型口蹄疫疫情的軌跡，本文使用該系統了搜尋 2005 年 1 月 1 日至 2024 年 9 月 19 日世界動物衛生組織會員國向該組織通報的南非 2 型口蹄疫紀錄。截至 2024 年 9 月 19 日共可查詢到 72 筆資料，最近的一例是 2024 年 9 月 2 日南非共和國的牛隻病例。茲將 2005 年迄今發生該型口蹄疫的國家與發生的年份整理如表 1。

以世界動物衛生組織疫情資訊系統的資料為基礎，若就疫情出現重要轉變的年份來區分，可以將 2005 年至 2024 年分成三個階段：

- 一、2005 年至 2011 年：這段期間南非 2 型口蹄疫的疫區較侷限在非洲南部，通報疫情的計有波札那、那密比亞、馬拉威、南非共和國、安哥拉、辛巴威、尚比亞、莫三比克等 8 國。其他僅有非洲西部的奈及利亞在 2008 年與 2010 年有疫情通報。
- 二、2012 年至 2022 年：2012 年南非 2 型口蹄疫向北延伸到非洲北部與地中海沿岸，巴勒斯坦與埃及出現病例，等於宣告南非 2 型口蹄疫跨出非洲大陸，進入亞洲地區。埃及以國土東北角的西奈半島連結非洲與亞洲兩塊大陸，其特殊的地理位置，在南非 2 型口蹄疫的散播上具有關鍵的地位 [20]。2012 年入侵的病毒株與西側鄰國利比亞的病毒株 SAT2/LIB/2003 相似度最高 [35]。南非 2 型口蹄疫對於埃及而言，並不是新入侵的疾病。埃及在 1950 年發生的首例口蹄疫，當時的血清型就是南非 2 型。
- 三、2023 年迄今：南非 2 型口蹄疫的疫區在 2023 年進一步向東蔓延到土耳其與阿拉伯半島的約旦、伊拉克、阿曼，距離南歐與印度半島都僅有一步之遙 (圖 2)。土耳其爆發疫情的地區位於該國東部，非常接近與喬治亞共和國、亞美尼亞、伊朗的邊境，如果疫情進一步蔓延，南非 2 型口蹄疫便會進入中亞。

世界動物衛生組織疫情資訊系統上記錄的疫情資料，應該只是非洲口蹄疫的冰山一角。喀麥隆 [11]、普隆地 [13]、衣索比亞 [8, 40, 41, 42, 47]、厄利垂亞 (Eritrea)、沙烏地阿拉伯 [10, 42]、蘇丹 (Sudan) [2, 19]、肯亞 [29, 30, 31]、查德 [1] 等國的南非 2 型口蹄疫疫情僅見諸文獻，並沒有向世界動物衛生組織通報的紀錄。此外，有些疫情的資訊是隱身在資料庫裡，以核苷酸或胺基酸序列的形式存在。例如在 GenBank 資料庫 [27] 可以搜尋到上傳的序列有在烏干達 (登錄編號 MH367435 與 MH367436，2016 年) [13]、尼日 (登錄編號 KF112960，2005 年)、迦納 (登錄編號 LC456874 與 LC456875，2018 年) 等國檢測到的病毒序列，顯示這些國家確實有南非 2 型口蹄疫病毒的活動。

相關國家的防疫措施與局限

在防疫策略上，控制口蹄疫的策略與防治其他接觸傳播的動物傳染病相仿，可選擇的作為包括撲殺感染動物、徹底清潔消毒感染場、實施預防接種、避免家畜與野生動物接觸、管制家畜移動、加強邊境管制、獸醫診斷實驗室的即時服務、病毒學與血清學監測、風險評估等。

預防接種是控制口蹄疫的重要手段之一，但疫苗的使用也是大學問。目前主流的口蹄疫疫苗是由全病毒製成的不活化疫苗。使用口蹄疫疫苗時，遇到的情境與需要考量的因素，也與一般疫苗無異，其中最重要的就是不僅疫苗的血清型要正確，抗原性更需要對應當下田間流行的病毒株。可惜目前南非 2 型口蹄疫的疫區國家，多半欠缺完善的病毒監測與序列分析體系，未必能夠及時掌握與挑選合適的疫苗株 [47]。

實務上，防疫策略受限於現實的諸般因素，落實度往往不如期待中的理想；尤其是在中低度開發的國家，受限於民情或資源，能夠執行的防疫手段非常有限。許多非洲國家的邊境管制薄弱，家畜與野生動物自由跨境遷移；不同的病毒株隨著帶原動物散布，助長了病毒的歧異性與疫情的複雜度 [42]。親緣關係分析的結果也顯示埃及與利比亞、衣索比亞之間的動物移動牽動著埃及境內的疫情 [20]。經濟因素對防疫而言是殘酷的現實；以衣索比亞為例，家畜是農民的重要資產，欲撲殺感染動物來控制口蹄疫並不可行；使用抗生素與支持療法固然降低了罹病動物的死亡率，但減少農民經濟損失的代價是為存活的動物提供了更多散播口蹄疫病毒的機會 [47]。野生動物感染後的帶原，更大大地增加了病毒清除的難度 [5, 39, 42]。

討論

21 世紀以來，多個被我國歸類於甲類動物傳染病的重要疾病，都自既有的傳統流行區域向外擴張，跨越歐亞陸塊，由西向東一路席捲到東亞國家：非洲豬瘟在 2007 年入侵喬治亞、亞美尼亞、亞塞拜然及俄羅斯；2017 年進入歐盟國家，至今疫區遍及 23 個歐盟國家；2018 年非洲豬瘟在中國大陸現蹤，接著蒙古、越南、柬埔寨、北韓、寮國等 10 個亞洲國家陸續淪陷為疫區 [22]，至今仍是威脅亞洲養豬業最重要

的傳染病之一。

小反芻獸疫在 20 世紀主要分布於中東、中亞、印度半島一帶，2007 年首次出現在中國西藏，2013 年至 2014 年由新疆快速傳至中國各地 [24]。有鑑於小反芻獸疫對養羊業的持續威脅，世界動物衛生組織與聯合國糧農組織在 2015 年研擬了策略與目標，期盼在 2030 年以前讓小反芻獸疫成為繼牛瘟之後第二個被撲滅的動物傳染病 [43]。

牛結節疹在 20 世紀的大半年代，都只盛行於非洲大陸的下撒哈拉地區 (sub-Saharan Africa)。1988 年與 1989 年，埃及與以色列相繼出現首例牛結節疹病例；接著土耳其在 2013 年出現疫情，歐盟、巴爾幹半島、俄羅斯在 2015 年淪陷；中東及中亞的伊朗、伊拉克、哈薩克、亞塞拜然、亞美尼亞在 2014 年至 2016 年出現疫情 [26]；2019 年中國、2020 年越南、2021 年泰國與蒙古陸續出現疫情 [4, 17, 25]。牛結節疹也曾在 2020 年 [37]與 2021 年分別入侵我國金門縣與新北市，所幸迅速獲得控制。

前面的非洲豬瘟、小反芻獸疫、牛結節疹的全球性疫情擴張，都有自非洲大陸經由非洲東北部侵入中東，接著以歐亞陸塊相接的土耳其、中亞為橋樑，或向北進入歐洲，或向東跨越俄羅斯與中國進入東亞與東南亞。這幾年的南非 2 型口蹄疫疫情，也透露著相似的路徑與趨勢。會不會進一步擴張？有待觀察。

跨域重要動物傳染病及人畜共通傳染病的疫區擴展，有不同的背景因子在背後驅動。除了對病原微生物的演化壓力，還有森林砍伐、開墾農田、獵捕野生動物等人為經濟活動 [15]。其他如家畜交易、野生動物遷徙、羸弱的牧場生物安全管理、疫苗覆蓋率低、疫情透明度與通報率低、鬆散的邊境管制，也都直接或間接地促進了傳染病的散播 [17, 42]。節肢動物媒介的動物傳染病與病媒生物的盛行有關，也可能受到全球氣候變遷而改變其生態，間接牽動了相關傳染病的消長。

我國臺灣、澎湖、馬祖在 2020 年已經獲得世界動物衛生組織認定為不使用疫苗的口蹄疫非疫國，成為我國動物防疫的重要里程碑，也是我國自 1997 年 O 型口蹄疫入侵後動物防疫體系蛻變成長的實證。如何維持非疫區的狀態，同時防堵其他跨域動物傳染病

的入侵，將是獸醫服務體系持續的壓力與挑戰。中國大陸與我國金門縣近在咫尺，1999 年口蹄疫與 2020 年牛結節疹均是在金門爆發首例，可謂我國跨域動物傳染病的重要前哨站。對於南非 2 型口蹄疫，邊境管制、抗體監測、持續宣導，都是防範口蹄疫入侵與及時圍堵疫情不可間斷的工作。

南非 2 型口蹄疫在全球的疫區動態，值得持續關注。建立風險評估機制，適時啟動採購與儲備南非 2 型口蹄疫疫苗，或許是可以規劃的方向。

參考文獻

1. Abdel-Aziz AI, Romey A, Relmy A, Gorna K, Laloy E, Métras R, Muñoz F, Blaise-Boisseau S, Zientara S, Lancelot R, Bakkali Kassimi L. Seroprevalence and molecular characterization of foot-and-mouth disease virus in Chad. *Vet Med Sci*, 6:114–121, 2020.
2. Ahmed NH, Osman NA, Alfouz W, Saeed HM, A/Raouf Y. Serological detection and genetic characterization of foot-and-mouth disease virus from cattle in northern Sudan, 2016–2018. *Vet Anim Sci*, 13:100188, 2021.
3. Aiewsakun P, Pamornchainavakul N, Inchaisri C. Early origin and global colonization of foot-and-mouth disease virus. *Sci Rep*, 10: 15268, 2020.
4. Akther M, Akter SH, Sarker S, Aleri JW, Annandale H, Abraham S, Uddin JM. Global burden of lumpy skin disease, outbreaks, and future challenges. *Viruses*, 15:1861, 2022.
5. Alexandersen S, Zhang Z, Donaldson AI. Aspects of the persistence of foot-and-mouth disease virus in animals –the carrier problem. *Microbes Infect*, 4:1099–1110, 2002.
6. Aslam M, Alkheraije KA. The prevalence of foot-and-mouth disease in Asia. *Front Vet Sci*, 10:1201578, 2023.
7. Bachrach HL. Foot-and-mouth disease. *Annu Rev Microbiol*, 22:201–244, 1968.
8. Bandaw T, Gebremeskel HF, Muluneh, Mengistu TS, Kebede IA. Seroprevalence and molecular detection of foot and mouth disease virus in cattle in selected districts of Wolaita Zone, Southern Ethiopia. *Sci Rep*, 14:7929, 2024.
9. Bastos ADS, Haydon DT, Sangaré O, Boshoff CI, Edrich JL, Thomson GR. The implication of virus diversity within the SAT 2 serotype for control of foot-and-mouth disease in sub-Saharan Africa. *J Gen Virol*, 84:1595–1606, 2003.
10. Bertram MR, Bravo de Rueda C, Garabed R, Dickmu Jumbo S, Moritz M, Pauszek S, Abdoukadiiri S, Rodriguez LL, Arzt J. Molecular epidemiology of foot-and-mouth disease virus in the context of transboundary animal movement in the Far North Region of Cameroon. *Front Vet Sci*, 5:320, 2018.
11. Bronsvort BMD, Radford AD, Tanya VN, Nfon V, Kitching RP, Morgan KL. Molecular epidemiology of foot-and-mouth disease viruses in Adamawa Province of Cameroon. *J Clin Microbiol*, 42:2186–2196, 2004.
12. Brooksby JB. The virus of foot-and-mouth disease. *Adv Virus Res*, 5:1–37, 1958.
13. Estevez Garcia AI, Lefebvre DJ, Nyabongo L, Haegman A, Nkundwanayo C, De Vleeschauwer A, Ntakirutimana D, De Leeuw I, Nsanganiyumwami D, Niyokwizera P, van der Berg T, Niyokwishimira A, De Clercq K. Outbreaks of foot-and-mouth disease in Burundi, East Africa, in 2016, caused by different serotypes. *Viruses*, 14:1077, 2022.
14. Freimanis GL, Di Nardo A, Bankowska K, King DJ, Wadsworth J, Knowles NJ, King DP. Genomics and outbreaks: foot and mouth disease. *Rev Sci Tech Off Int Epiz*, 35:175–189, 2016.
15. Galaz V, Rocha J, Sánchez-García PA, Dauriach A, Roukny T, Søgaard Jørgensen P. Financial influence on global risks of zoonotic emerging and re-emerging diseases: an integrative analysis. *Lancet Planet Health*, 7:e951–962, 2023.
16. Gibbs EP, Herniman KA, Lawman MJ, Sellers RF. Foot-and-mouth disease in British deer: transmission of virus to cattle, sheep and deer. *Vet Rec*, 96:558–563, 1975.
17. Gongal G, Rahman H, Thakuri KC, Vijayalakshmy K. An overview of transboundary animal diseases of viral origin in South Asia: What needs to be done? *Vet Sci*, 9:586, 2022.

18. Grubman MJ, Baxy B. Foot-and-mouth disease. *Clin Microbiol Rev*, 17:465–493, 2004.
19. Habiel M, Ferris NP, Hutchings GH, Wadsworth J, Reid SM, Madi M, Ebert K, Sumption KJ, Knowles NJ, King DP, Paton DJ. Molecular characterization of foot-and-mouth disease viruses collected from Sudan, *Transbound Emerg Dis*, 57:305–314, 2010.
20. Hassan AM, El-mayet FS, El-Habbaa AS, Shahein MA, El Zowalaty ME, Haga NM, Sharawi SSA. Molecular characterization of newly emerging foot-and-mouth disease virus serotype SAT 2 of Lib-12 lineage isolated from Egypt. *Virus Res*, 311:198651, 2022.
21. Hyslop NSG. Transmission of the virus of foot and mouth disease between animals and man. *Bull Wld Hlth Org*, 49:577–585, 1973.
22. Ito S, Kawaguchi N, Bosch J, Aguilar-Vega C, Sánchez-Vizcaino JM. What can we learn from the five-year African swine fever epidemic in Asia? *Front Vet Sci*, 10:1273417, 2023.
23. Kandeil A, El-Shesheny R, Kayali G, Moatasim Y, Bagato O, Darwish M, Gaffar A, Younes A, Farag T, Kutkat MA, Ali MA. Characterization of the recent outbreak of foot-and-mouth disease serotype SAT2 in Egypt. *Arch Virol*, 158:619–627, 2013.
24. Lee F. Peste des petits Ruminants: A potential threat to our livestock. *Exp Rep AHRI*, 50:85–94, 2016.
25. Mazloun A, Van Schalkwyk A, Babiuk S, Venter E, Wallace DB, Sprygin A. Lumpy skin disease: History, current understanding and research gaps in the context of recent geographic expansion. *Front Microbiol*, 14:1266759, 2023.
26. Namazi F, Khodakaram Tafti A. Lumpy skin disease, an emerging transboundary viral disease: A review. *Vet Med Sci*, 7:888–896, 2021.
27. National Center for Biotechnology Information. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. (搜尋日期 2024 年 9 月 19 日)
28. Paton DJ, Di Nardo A, Knowles NJ, Wadsworth J, Pituco EM, Cosivi O, Rivera AM, Kassimi LB, Brocchi E, de Clercq K, Carrillo C, Maree FF, Singh RK, Vosloo W, Park MK, Sumption KJ, Ludi AB, King DP. The history of foot-and-mouth disease virus serotype C: the first known extinct serotype? *Virus Evol*, 7:veab009, 2021.
29. Palinski RM, Sangula A, Gakuya F, Bertram MR, Pauszek SJ, Hartwig EJ, Smoliga GR, Obanda V, Omondi GP, VanderWaal K, Arzt J. Genome sequences of foot-and-mouth disease virus SAT1 and SAT2 strains from Kenya in 2014 to 2016. *Microbiol Resour Announc*, 8:e00809, 2019.
30. Palinski RM, Sangula A, Gakuya F, Bertram MR, Pauszek SJ, Hartwig EJ, Smoliga GR, Obanda V, Omondi GP, VanderWaal K, Arzt J. Genome sequences of foot-and-mouth disease virus SAT2 strains purified from coinfecting cape buffalo in Kenya. *Microbiol Resour Announc*, 11:e0058522, 2022.
31. Palinski RM, Brito B, Jaya FR, Sangula A, Gakuya F, Bertram MR, Pauszek SJ, Hartwig EJ, Smoliga GR, Obanda V, Omondi GP, VanderWaal K, Arzt J. Viral population diversity during co-infection of foot-and-mouth disease virus serotypes SAT1 and SAT2 in African buffalo in Kenya. *Viruses*, 14:897, 2022.
32. Ramirez-Carvajal L, Pauszek SJ, Ahmed Z, Farooq U, Naeem K, Shabman RS, Stockwell TB, Rodriguez LL. Genetic stability of foot-and-mouth disease virus during long-term infections in natural host. *PLoS ONE*, 13:e0190977, 2018.
33. Sahle M, Dwarka RM, Venter EH, Vosloo W. Study of the genetic heterogeneity of SAT-2

- foot-and-mouth disease virus in sub-Saharan Africa with specific focus on East Africa. Onderstepoort J Vet Res, 74:289–299, 2007.
34. Sangaré O, Bastos ADS, Venter EH, Vosloo W. The first molecular epidemiological study of SAT-2 type foot-and-mouth disease viruses in West Africa. Epidemiol Infect, 132:525–532, 2004.
 35. Shawky M, Abd El-Aty M, Fakry HM, Daoud HM, Ehab El-Sayed I, Wael Mossad G, Rizk SA, Abu-Elnaga H, Mohamed AA, Abd El-kreem A, Farouk EM. Isolation and molecular characterization of foot and mouth disease SAT2 virus during outbreak 2012 in Egypt. J Vet Adv, 3:60–68, 2013.
 36. Stenfeldt C, Bertram M, Holinka-Patterson L, Fish I, Farooq U, Ahmed Z, Hartwig EJ, Smoliga GR, Naeem K, Rodriguez L, Arzt J. Genome sequence of foot-and-mouth disease virus serotype A and O strains obtained from subclinical infected Asian buffalo (*Bubalus bubalis*) in Pakistan. Microbiol Resour Announc, 11:00575–22, 2022.
 37. Tsai KJ, Tu YC, Wu CH, Huang CW, Ting LJ, Huang YL, Pan CH, Chang CY, Deng MC, Lee F. First detection and phylogenetic analysis of lumpy skin disease virus from Kinmen Island, Taiwan in 2020. J Vet Med Sci, 84: 1093–1100, 2022.
 38. Vosloo W, Knowles NJ, Thomson GR. Genetic relationships between southern African SAT-2 isolates of foot-and-mouth disease virus. Epidemiol Infect, 109:547–558, 1992.
 39. Vosloo W, Thompson PN, Botha B, Bengis RG, Thomson GR. Longitudinal study to investigate the role of impala (*Aepyceros melampus*) in foot-and-mouth disease maintenance in the Kruger National Park, South Africa. Transbound Emerg Dis, 56:18–30, 2009.
 40. Woldemariam FT, Leta S, Assefa Z, Tekeba E, Gebrewold S, Paeshuyse J. Temporal and spatial patterns and a space-time cluster analysis of foot-and-mouth disease outbreaks in Ethiopia from 2010 to 2019. Viruses, 14: 1558, 2022.
 41. Woldemariam F, Paeshuyse J. Viral protein 1 (VP1) sequence-based genetic diversity of SAT 2 FMDV circulating in Ethiopia from 1990 to 2015. Vet Med Res Rep, 14:91–101, 2023.
 42. Woldemariam FT, Kariuki CK, Kamau J, De Vleeschauwer A, De Clercq K, Lefebvre DJ, Paeshuyse J. Epidemiological dynamics of foot-and-mouth disease in the Horn of Africa: The role of virus diversity and animal movement. Viruses, 15: 969, 2023.
 43. World Organisation for Animal Health, Food and Agriculture Organization of the United Nations. Global Strategy for the Control and Eradication of PPR. <https://www.woah.org/app/uploads/2021/03/ppr-global-strategy-avecannexes-2015-03-28.pdf>. (搜尋日期 2024 年 6 月 28 日)
 44. WOA/FAO Reference Laboratory Network for Foot-and-Mouth Disease. Foot-and-mouth disease virus serotypes, topotypes and lineages. <https://www.foot-and-mouth.org/FMDV-nomenclature-working-group/nomenclature#topotypes>. (搜尋日期 2024 年 6 月 28 日)
 45. World Organisation for Animal Health. World Animal Health Information System. <https://wahis.woah.org/#/home>. (搜尋日期 2024 年 9 月 19 日)
 46. Zell R, Knowles N, Simmonds P. A proposed division of the family *Picornaviridae* into subfamilies based on phylogenetic relationships and functional genomic organization. Arch Virol, 166:2927–2935, 2021.
 47. Zewdie G, Akalu M, Tolossa W, Belay H, Deresse G, Zekarias M, Tesfaye Y. A review of foot-and-mouth disease in Ethiopia: epidemiological aspects, economic implications, and control strategies. Virol J, 20:209, 2023.

綜論：南非 2 型口蹄疫的疫情近況 (2005 ~ 2024 年)

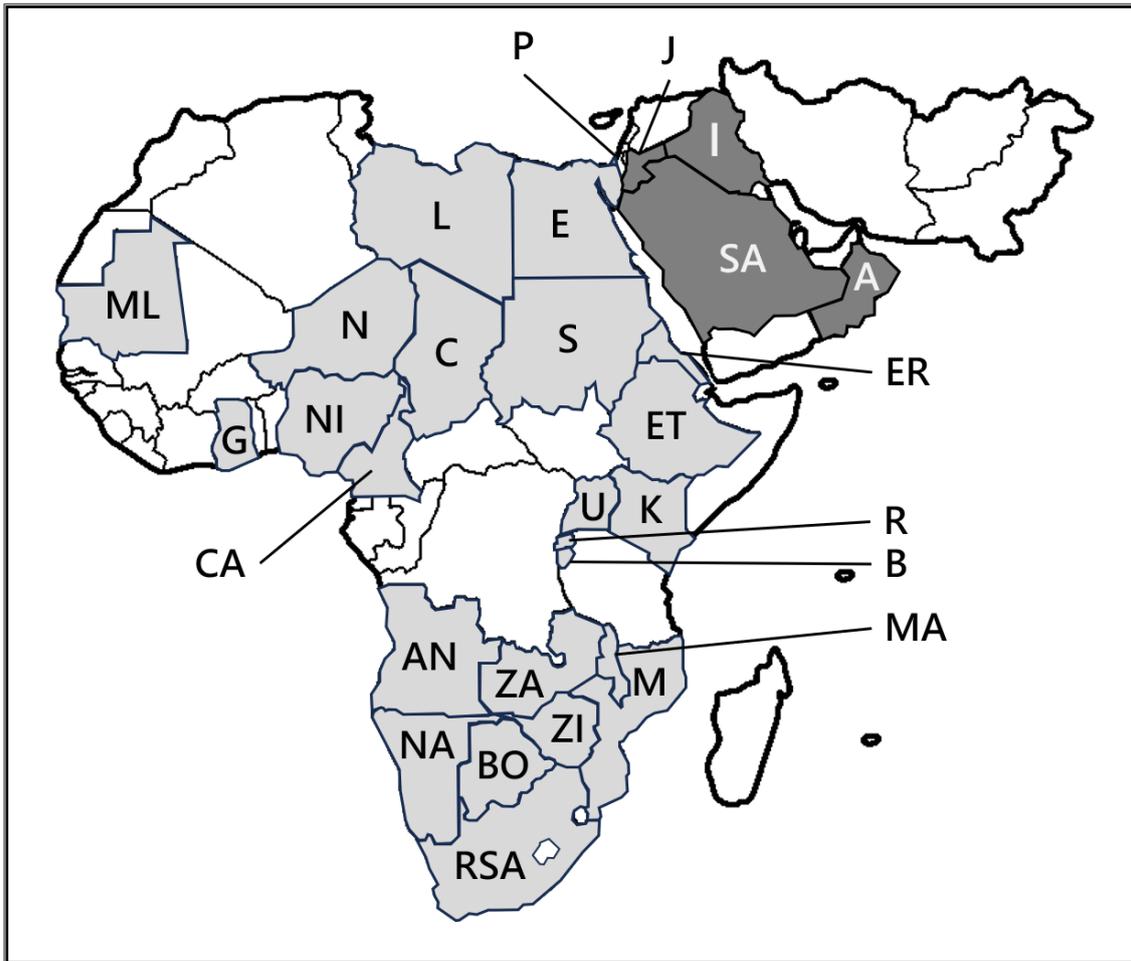


圖 1、本文提及的國家與地區：深灰色為亞洲國家 (A 阿曼、I 伊拉克、J 約旦、P 巴勒斯坦、SA 沙烏地阿拉伯)，淺灰色為非洲國家 (AN 安哥拉、B 普隆地、BO 波札那、C 查德、CA 喀麥隆、E 埃及、ER 厄利垂亞、ET 衣索比亞、G 迦納、K 肯亞、L 利比亞、M 莫三比克、MA 馬拉威、ML 茅利塔尼亞、N 尼日、NA 那密比亞、NI 奈及利亞、R 盧安達、RSA 南非共和國、S 蘇丹、U 烏干達、ZA 尚比亞、ZI 辛巴威)。

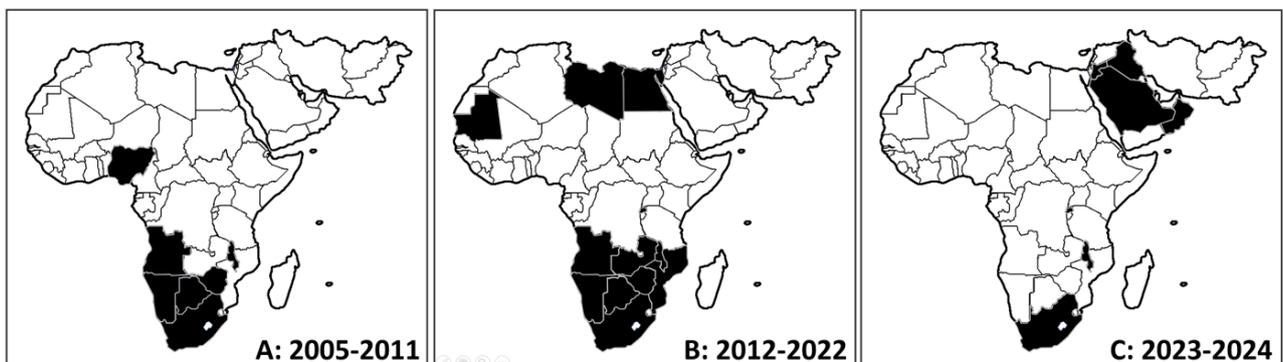


圖 2、依據世界動物衛生組織疫情資訊系統的通報資料，圖示南非 2 型口蹄疫疫區 (黑色區塊) 自 2005 年以來的變動。(A) 2005 年至 2011 年除了西非的奈及利亞外，疫區侷限在非洲南部。(B) 2012 年至 2022 年非洲南部的疫區國家增加，西非的茅利塔尼亞和北非的埃及和利比亞亦淪為疫區。(C) 2023 年以來，約旦、沙烏地阿拉伯、伊拉克、阿曼等 4 個亞洲國家成為新的疫區。

Global situation of foot and mouth disease virus serotype SAT2 during 2005–2024

F Lee*

Veterinary Research Institute, Ministry of Agriculture

Abstract Foot and mouth disease has been one of the infectious animal diseases of global importance. Antigenically, foot and mouth disease viruses possess seven distinct serotypes: O, A, Asia 1, C, SAT1, SAT2, and SAT3. Among the serotypes, serotype C have not been identified for years and may extinct. Traditional territory of the serotype SAT2 has been African continent, particularly eastern African countries such as Ethiopia and Kenya. Unfortunately, foot and mouth disease of serotype SAT2 invaded Egypt in 2012 and the disease furthermore spread to a few Asian countries. The eastward spread, similar to those of African swine fever, peste des petits ruminants, and lumpy skin disease in the past decade, may be a new risk to Asian livestock industry and should be monitored extensively.

Keywords: *Foot and mouth disease, SAT2, Serotype, Disease spread*

* Corresponding Author
Veterinary Research Institute, Ministry of Agriculture