

## Annexes

- 1) [Détails méthodologiques \(Annexe 1\)](#)
- 2) [Aperçu des synthèses de données probantes et des études individuelles incluses \(Annexe 2\)](#)
- 3) [Détails sur chaque synthèse identifiée \(Annexe 3\)](#)
- 4) [Détails sur chaque étude individuelle identifiée \(Annexe 4\)](#)
- 5) [Documents exclus des dernières étapes de la révision \(Annexe 5\)](#)
- 6) [Références](#)

## Meilleures données probantes disponibles relatives à l'écllosion de mpox

**Le 30 août 2024**

[Code de produit MHF : PPV 6.12]

## Annexe 1 : Renseignements méthodologiques

Nous utilisons un protocole normalisé pour préparer les profils de preuves vivantes (PPV) afin de nous assurer que notre approche pour déterminer les preuves de recherche est aussi systématique et transparente que possible dans les délais qui nous ont été octroyés pour préparer le profil.

### Déterminer les preuves de recherche

Pour cette PPV, nous avons effectué des recherches dans PubMed, Scopus, Europe PNC et SSRN pour :

- 1) les synthèses de données probantes;
- 2) les protocoles pour les synthèses de données probantes en cours
- 3) les études individuelles publiées
- 4) les prépublications et autres données probantes émergentes (par exemple, des données récentes présentées lors de conférences).

Nous avons effectué une recherche dans PubMed en utilisant une recherche de texte ouvert pour (((Monkeypox[All Fields] OR Monkeypox\*[All Fields] OR "Monkey pox"[All Fields] OR MPXV[All Fields] OR Monkeypox[MeSH Terms] OR Monkeypox virus[MeSH Terms] OR "Variole du singe"[All Fields] OR "mpox" [All Fields] )) AND ((clade\* 1) OR ("clade\* I") OR ("I clade"))) OR ("Congo Basin clade" OR ("Central Africa clade") OR ("CA clade")). Nous avons effectué une recherche dans Scopus en utilisant un texte ouvert pour : (TITLE-ABS-KEY ((Monkeypox OR "Monkey pox" OR "monkey orthodox" OR simian OR "Simian pox" OR "simian orthodox" OR mpv OR "Monkeypox virus" OR "ovariole du singe" OR "mpox" OR "orthodoxvirose simienne" OR "ovariole simienne")) AND ALL (" clade 1")). Nous avons cherché dans EuropePMC en utilisant une recherche en texte ouvert pour ((Title:(Monkeypox) OR Title:("Monkey pox") OR Title:("Monkey orthopox") OR Title:(Simianpox) OR Title:("Simian pox") OR Title:("Simian orthopox") OR Title:(MPXV) OR Title:("Variole du singe") OR Title:("orthopoxvirose simienne") OR Title:("Variole simienne") OR Title:("mpox") OR Abstract:(Monkeypox) OR Abstract:("Monkey pox") OR Abstract:("Monkey orthopox") OR Abstract:(Simianpox) OR Abstract:("Simian pox") OR Abstract:("Simian orthopox") OR Abstract:(MPXV) OR Abstract:("Variole du singe") OR Abstract:("orthopoxvirose simienne") OR Abstract:("Variole simienne") OR Abstract:("mpox")) AND (SRC:PPR)) AND ((clade 1) OR (« clade I »)). Enfin, nous avons effectué une recherche sur SSRN en utilisant les mots-clés "Monkeypox" ou "Simianpox." Nous avons également extrait des documents de preuve qui traitent spécifiquement du clade I à partir de deux profils de preuves vivantes sur la mpox précédemment réalisés, mis à jour pour la dernière fois en 2022 ([1](#); [2](#)).

Les documents de données probantes issus des recherches systématiques ont été téléchargés dans Covidence (un logiciel pour soutenir la réalisation de synthèses de données probantes), où le personnel a effectué le filtrage des titres et des résumés, suivi de l'examen du texte intégral. Les documents ont été examinés par un seul examinateur. Toutes les

questions concernant l'inclusion ou l'exclusion ont été réglées par l'auteur principal. L'équipe utilise un canal virtuel dédié pour discuter et affiner de façon itérative les critères d'inclusion/exclusion tout au long du processus, ce qui fournit une liste courante de considérations que tous les membres peuvent consulter au cours des premières étapes de l'évaluation. Des recherches systématiques, nous avons examiné 224 synthèses de données probantes et études individuelles (y compris 13 doublons), dont 132 ont été soumises à un examen intégral du texte. Il y avait 108 documents exclus suite à un examen intégral du texte, car ils ne fournissaient pas de résultats directement pertinents pour le clade I, ils étaient des articles descriptifs qui ne contenaient pas de méthodologie, ou ils étaient des études de modélisation. De plus, nous avons effectué une recherche manuelle dans les documents inclus dans les deux profils de preuves vivantes précédents et avons inclus six documents. Au total, nous avons inclus 30 documents de données probantes, dont sept synthèses de données probantes et 23 études primaires.

Au cours de ce processus, nous incluons la littérature publiée, préimprimée et grise. Nous n'excluons pas de documents en fonction de la langue. Cependant, nous ne sommes pas en mesure d'extraire les principales constatations de documents rédigés dans des langues autres que le chinois, l'anglais, le français, le portugais ou l'espagnol. Nous fournissons en annexe tout document qui ne contient pas de contenu disponible dans ces langues et qui contient des documents exclus aux étapes finales de l'examen. Nous avons exclu les documents qui n'ont pas directement abordé les questions de recherche et le cadre d'organisation pertinent.

### **Évaluer la pertinence et la qualité des données probantes**

Nous évaluons la pertinence de chaque document de données probantes inclus comme étant élevée, modérée ou faible par rapport à la question.

Deux examinateurs évaluent indépendamment la qualité méthodologique des synthèses de données probantes qui sont considérées comme étant très pertinentes en utilisant la première version de l'outil [AMSTAR](#). Deux examinateurs évaluent chaque synthèse de façon indépendante et les désaccords sont résolus par consensus avec un troisième examinateur, au besoin. AMSTAR évalue la qualité méthodologique globale selon une échelle de 0 à 11, où 11/11 représente une revue de la plus haute qualité. Les synthèses de données probantes de qualité élevée sont celles avec des notes de huit ou plus allant jusqu'à 11, les synthèses de données probantes de qualité moyenne étant celles dont la note est entre quatre et sept, et les synthèses de faible qualité ayant des notes en dessous de quatre. Il est important de noter que l'outil AMSTAR a été développé pour évaluer les synthèses de données probantes centrées sur les interventions cliniques, donc tous les critères ne s'appliquent pas à ceux liés aux arrangements du système de santé ou aux stratégies de mise en œuvre. De plus, nous appliquons les critères AMSTAR aux synthèses de données probantes qui abordent tous les types de questions, et pas seulement celles qui portent sur l'efficacité. De plus, certaines de ces synthèses de données probantes qui abordent d'autres types de questions sont des synthèses d'études qualitatives. Bien qu'AMSTAR ne tienne pas compte de certains des principaux attributs des synthèses d'études qualitatives, tels que la participation des citoyens et des experts en la matière, la compétence des chercheurs et la manière dont la réflexivité a été abordée, il demeure le meilleur outil général d'évaluation de la qualité dont nous sommes conscients. Lorsque le dénominateur n'est pas 11, un aspect de l'outil a été jugé non pertinent par les évaluateurs. En comparant les cotes, il est donc important de garder à l'esprit les deux parties de la note (c.-à-d. le numérateur et le dénominateur). Par exemple, une synthèse des données probantes qui obtient une note de 8/8 est généralement de qualité comparable à une autre qui obtient une note de 11/11; les deux notes sont considérées comme étant des « notes élevées ». Une note élevée indique que les lecteurs de la synthèse des données probantes peuvent avoir un niveau élevé de confiance dans ses constatations. Une note faible, d'autre part, ne signifie pas que la synthèse des données probantes doit être écartée, simplement que moins de confiance peut être accordée à ses conclusions et qu'elle doit être examinée de près pour identifier ses limites. (Lewin S., Oxman A. D., Lavis J. N., Fretheim A. SUPPORT Tools for evidence-informed health Policymaking (STP): 8. Deciding how much confidence to place in a systematic review. *Health Research Policy and Systems* 2009; 7 (Suppl1): S8. (en anglais seulement)

## **Préparer le profil**

Chaque document inclus est cité dans la liste de référence à la fin du PPV. Pour toutes les lignes directrices incluses, les synthèses de données probantes et les études uniques (lorsqu'elles sont incluses), nous préparons un petit nombre de points qui fournissent un résumé des principales constatations, qui sont utilisées pour résumer les messages clés dans le texte. Les protocoles et les titres/questions ont leurs titres hyperliés, étant donné que les constatations ne sont pas encore disponibles.

Nous rédigeons ensuite un résumé qui met en évidence les principales constatations de tous les documents très pertinents (en plus de leur date de dernière recherche et de leur qualité méthodologique).

Une fois terminé, le PPV est envoyé à l'expert en la matière pour examen.

## Annexe 2 : Aperçu des synthèses de données probantes et des études individuelles identifiées en organisant les domaines du cadre

	Total	Biologie	Épidémiologie	Prévention et contrôle	Diagnostic	Présentation clinique	Pronostic	Traitement
<b>Total</b>	<b>30</b>	<b>23</b>	<b>19</b>	<b>8</b>	<b>8</b>	<b>3</b>	<b>9</b>	<b>2</b>
Synthèses de données probantes	7	4	5	3	2	1	4	2
• Niveau de pertinence élevé	5	3	4	2	2	1	3	2
• Niveau de pertinence moyenne	–	–	–	–	–	–	–	–
• Niveau de pertinence faible	2	1	1	1	–	–	1	–
<b>Études individuelles</b>	<b>23</b>	<b>19</b>	<b>14</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>5</b>	<b>1</b>
• Niveau de pertinence élevé	9	9	8	2	1	–	3	1
• Niveau de pertinence moyenne	9	6	4	2	3	1	1	–
• Niveau de pertinence faible	5	4	2	1	2	1	1	–

## Annexe 3 : Détails sur chaque synthèse de données probantes identifiée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	État de vie	Qualité (AMSTAR)	Dernière année de recherche dans la documentation	Disponibilité du profil GRADE	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie</li> <li>• Clade I</li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> <li>• Prévention et contrôle <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Surveillance et production de rapports</li> </ul> </li> <li>• Diagnostic</li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p><a href="#">Le clade I, associé à l'Afrique centrale (République du Congo, République centrafricaine, République démocratique du Congo, Gabon, Soudan du Sud, Cameroun), a été signalé des années 1970 à 2020, principalement transmis des animaux aux humains, mais aussi par contact humain à humain, caractérisé par des cas sporadiques, des éclosions et des occurrences endémiques, avec un taux de létalité de 9,8 % et environ 1 090 cas confirmés plus environ 30 000 cas suspects (1)</a></p>	Élevée	Non	4/9	2023	Non	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> </ul> </li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p><a href="#">À travers l'Afrique centrale et de l'Ouest, la République démocratique du Congo (RDC) connaît le plus grand fardeau de maladies en raison du clade I, qui est constamment plus élevé que le clade II, et les enfants de moins de 10 ans supportent principalement ce fardeau de maladies (2)</a></p>	Élevée	Non	5/11	Août 2018	Non	Caractéristiques personnelles associées à la discrimination (par exemple, l'âge, le handicap)
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Traitement</li> </ul>	<p><a href="#">Alors que cet examen Cochrane sur les thérapies pour traiter la variole simienne (mpox) chez les humains n'a pas identifié de preuves issues d'essais contrôlés randomisés (ECR) sur l'efficacité et l'innocuité des thérapies pour la mpox, des preuves de très faible certitude ont signalé l'absence de signaux de sécurité graves liés à l'utilisation du tecovirimat chez les personnes atteintes d'une infection à la mpox; cependant, des signaux de sécurité ont été émis à partir de preuves de très faible certitude indiquant que le brincidofovir peut causer des lésions hépatiques (3)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Dans les trois études non randomisées incluses qui ont évalué l'innocuité du traitement de la mpox (355 ont reçu du tecovirimat, trois ont reçu du brincidofovir), tous les participants qui ont reçu du brincidofovir ont signalé une augmentation de l'enzyme hépatique alanine transaminase, ce qui a entraîné l'arrêt de leur traitement.</li> </ul>	Élevée	Non	9/10	Janvier 2023	Non	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	État de vie	Qualité (AMSTAR)	Dernière année de recherche dans la documentation	Disponibilité du profil GRADE	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> </ul> </li> <li>• Prévention et contrôle <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mesures non pharmaceutiques permettant de prévenir l'infection</li> <li>○ Des mesures non pharmaceutiques pour contrôler la propagation des infections</li> </ul> </li> <li>• Diagnostic</li> <li>• Présentation clinique <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Apparition des symptômes et durée</li> </ul> </li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> <li>• Traitement</li> </ul>	<p><a href="#">Un récent examen exploratoire a révélé qu'il existe actuellement un manque de compréhension sur la façon dont le virus altère la physiologie et/ou la biochimie de l'hôte, un manque de trousse de diagnostic rapide spécifique à la mpox, un nombre limité de cadres et de politiques nationaux et/ou internationaux pour contrôler la mpox, ainsi qu'un manque de renseignements sur les conséquences socioécologiques, économiques et psychologiques de cette maladie (4)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Un homologue du contrôle du complément du virus de la vaccine est présent dans le clade du bassin du Congo (clade I) et est absent dans le clade d'Afrique de l'Ouest (clade II), ce qui pourrait contribuer à la virulence réduite de ce dernier.</li> <li>• La plupart des études ont signalé que les humains et les animaux sont les hôtes de la mpox, tandis que les auteurs ont noté qu'il existe d'autres réservoirs d'infection à la mpox tels que les singes, le cricétome des savanes, les écureuils, les musaraignes éléphant, les gazelles et les cochons.</li> <li>• Le clade II est la souche la plus documentée en Afrique.</li> <li>• La transmission s'est produite à partir des interactions entre les humains, les animaux et l'environnement, de l'humain à l'humain, zoonotique et entre espèces.</li> <li>• Les signes et symptômes cliniques de la mpox chez l'humain comprennent de la fièvre, des maux de tête, des sueurs nocturnes, des douleurs musculaires, une maladie coryzale, une lymphadénopathie périphérique (une caractéristique distinctive par rapport à la variole), et après un à deux jours, il peut y avoir des lésions sur les surfaces muqueuses et la peau (notamment sur le visage, le cuir chevelu, le tronc et les membres).</li> <li>• Au cours de deux à quatre semaines, l'éruption cutanée peut évoluer de lésions surélevées à des pustules accompagnées de fièvre, de frissons, de ganglions lymphatiques enflés, de maux de tête et de douleurs musculaires, qui disparaissent normalement après deux à trois semaines.</li> <li>• La majorité des cas humains en Afrique ont été des maladies bénignes et se rétablissent en quelques semaines; les enfants, les jeunes adultes et les personnes immunodéprimées présentent un risque plus élevé de mortalité.</li> <li>• La mpox est considérée comme une maladie autolimitante et la guérison peut se produire sans traitement.</li> </ul>	Élevée	Non	9/10	Mai 2022	Non	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	État de vie	Qualité (AMSTAR)	Dernière année de recherche dans la documentation	Disponibilité du profil GRADE	Considérations relatives à l'équité
	<ul style="list-style-type: none"> <li>Les auteurs ont signalé que les traitements antiviraux (par exemple, tecovirimat, brincidofovir) peuvent être utilisés en combinaison avec les vaccins.</li> <li>Des mesures supplémentaires pourraient inclure l'utilisation d'équipement de protection individuelle (surtout dans les milieux cliniques impliquant des patients atteints de mpox), une thérapie de réhydratation et un soutien nutritionnel peuvent soutenir la prise en charge thérapeutique des personnes atteintes de mpox.</li> <li>Les auteurs ont identifié des lacunes dans la recherche, telles que le manque de compréhension de la façon dont le virus altère la physiologie et/ou la biochimie de l'hôte, le manque de kit de diagnostic rapide spécifique au virus de la mpox, le nombre limité de cadres et de politiques nationaux et/ou internationaux pour contrôler la mpox, et le manque de données sur les conséquences socioécologiques, économiques et psychologiques de cette maladie.</li> </ul>						
<ul style="list-style-type: none"> <li>Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> <li>○ Répartition géographique</li> <li>○ Populations à risque élevé <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ 2ELGBTQI+</li> <li>▪ Enfants</li> </ul> </li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Il y a une forte transmissibilité des deux clades de mpox, avec des infections liées aux voyages provenant principalement du clade 1 en provenance du Ghana, de la Côte d'Ivoire et de la RDC et se propageant en France et au Royaume-Uni</a> (5)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>La synthèse des preuves rassemble des données provenant de revues de littérature ainsi que de rapports officiellement publiés pour recenser tous les rapports d'infections à la mpox provenant à la fois de sources humaines et non humaines depuis 1958.</li> <li>À partir du 24 juillet 2022, la base de données finale comprenait 49 432 cas humains provenant de 78 pays répartis dans six régions.</li> <li>Le diagnostic confirmé en laboratoire a été établi dans 37,3 % des cas et 86,55 % des patients ayant des renseignements de base disponibles étaient des hommes, la majorité des cas confirmés étant survenus chez les enfants.</li> <li>La transmission zoonotique s'était produite dans 41 % des cas, suivie de la transmission communautaire, de l'infection liée aux voyages, de l'infection probable liée aux hommes ayant des relations sexuelles avec des hommes (HARSHAH), de la transmission au sein du foyer, du commerce d'animaux et de l'infection d'origine hospitalière</li> <li>Il a été déterminé que l'écllosion de 2022 était largement liée au clade II, mais avant 2021, les séquences génomiques identifiées dans les données étaient réparties de manière égale entre les deux.</li> <li>La majorité des cas de clade I sont signalés en RDC, au Cameroun, au Gabon, au Soudan et en République centrafricaine.</li> </ul>	Élevée	Non	4/9	2022	Non	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	État de vie	Qualité (AMSTAR)	Dernière année de recherche dans la documentation	Disponibilité du profil GRADE	Considérations relatives à l'équité
	<ul style="list-style-type: none"> <li>Par rapport au clade II, le nombre de reproduction effectif du clade I sur toute la période d'étude était statistiquement significativement plus élevé (0,81 par rapport à 0,56, <math>p &lt; 0,001</math>)</li> <li>Cependant, le nombre de reproduction effectif du clade II a augmenté de 2010 à 2017 pour devenir comparable au clade I.</li> <li>Les zones à risque élevé prédites pour le virus de la mpox se trouvent principalement en Afrique de l'Ouest et dans le bassin du Congo, mais plusieurs régions dans la partie nord de l'Amérique du Sud, les États des Caraïbes et l'Asie du Sud-Est et du Sud sont très propices à l'apparition du virus de la mpox; cette découverte ne fait pas de distinction entre les deux clades.</li> <li>Les infections liées aux voyages du clade 1 proviennent principalement du Ghana, de la Côte d'Ivoire et de la République démocratique du Congo et se propagent en France et au Royaume-Uni.</li> </ul>						
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I</li> <li>Clade II</li> </ul> </li> <li>Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p><a href="#">Les taux d'hospitalisation dans les études sur les éclosons de variolésimienne des clades I, II et non spécifié étaient d'environ 14,3 %, mais sont tombés à environ 5,8 % lors de l'écllosion de 2022, tandis que le taux de létalité estimé était de 0,03 %, mais variait considérablement en fonction de la disponibilité des soins et des caractéristiques démographiques des patients</a> (6)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Des taux de mortalité plus élevés ont été observés chez les enfants de moins de 10 ans lors des éclosons précédentes, tandis que l'écllosion de 2022 a principalement touché les jeunes hommes avec des taux de mortalité faibles.</li> <li>Les personnes séropositives au VIH ont connu des résultats plus mauvais, avec des taux d'hospitalisation et de mortalité plus élevés.</li> <li>Les études incluses comprenaient des recherches menées en Italie, en Espagne, au Nigeria, au Portugal, au Royaume-Uni, aux États-Unis, en République centrafricaine, en République du Congo et au Soudan, qui ont ensuite été analysées ensemble.</li> </ul>	Faible	Non	7/11	Août 2022	Non	Caractéristiques personnelles associées à la discrimination (par exemple, l'âge, le handicap)
<ul style="list-style-type: none"> <li>Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Transmissibilité</li> <li>Répartition géographique</li> </ul> </li> <li>Prévention et contrôle <ul style="list-style-type: none"> <li>Surveillance et production de rapports</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Les systèmes de surveillance des éclosons telles que la mpox doivent être renforcés étant donné que les zoonoses négligées pourraient entraîner des menaces potentielles pour la santé mondiale, comme on l'a vu lors de l'écllosion du clade II du virus de la mpox avec plus de 86 000 cas dans 110 pays lors de l'écllosion mondiale de 2022</a> (7)</p>	Faible	Non	1/9	Février 2023	Non	Non déclaré

## Annexe 4 : Détails sur chaque étude unique identifiée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Sous-clade Ib</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> <li>• Prévention et contrôle <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Surveillance et production de rapports</li> </ul> </li> <li>• Diagnostic</li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p><a href="#">Le virus de la variole simienne du clade I, historiquement répandu en Afrique centrale et associé à des taux de mortalité plus élevés, a récemment évolué pour inclure une nouvelle sous-lignée (clade Ib) en République démocratique du Congo</a> (8)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• En 2023-2024, il y a eu une augmentation des cas du clade I du virus de la mpox en Afrique, avec plus de 20 000 cas et 1 000 décès signalés dans 25 des 26 provinces de la République démocratique du Congo (RDC) en date de juin 2024.</li> <li>• Une nouvelle sous-lignée du virus de la variole simienne, clade Ib, est apparue dans le Sud-Kivu, en RDC, en septembre 2023, se propageant principalement par transmission hétérosexuelle.</li> <li>• Les chercheurs ont développé et validé un nouvel essai PCR en temps réel (dD14-16) qui a réussi à identifier 82 des 92 cas suspects de mpox au Sud-Kivu en tant que clade Ib, avec le séquençage du génome entier confirmant les résultats pour les échantillons avec des valeurs de Cq (cycle de quantification) faibles (inférieures à 30).</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : 2024</p> <p>Administration étudiée : République démocratique du Congo</p> <p>Méthodes utilisées : Combinaison de techniques de laboratoire, de tests d'échantillons cliniques et d'analyse génomique.</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> <li>• Prévention et contrôle <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Surveillance et production de rapports</li> </ul> </li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p><a href="#">Le clade I de la mpox, principalement en circulation en Afrique centrale, est associé à une morbidité plus élevée, une période d'incubation plus longue (13 jours, aire de distribution géographique de 3 à 34 jours) et un taux de létalité plus élevé (environ 11 %) par rapport aux autres clades</a> (9)</p>	Élevée	<p>Date de publication : 2023</p> <p>Administration étudiée : Union européenne, Royaume-Uni, Suisse et Singapour</p> <p>Méthodes utilisées : Cohorte multi-centres, multi-pays</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> <li>○ Répartition géographique</li> <li>○ Populations à risque élevé <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Enfants</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p><a href="#">Le clade II de la variole simienne a été trouvé avec un taux de létalité plus bas (2,2 %), comparé au clade I (7-10 %) (10)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• La mpox circule principalement dans les régions forestières du sud du Cameroun, sans aucun cas signalé dans les zones sahéliennes sèches, ce qui suggère que les écosystèmes jouent un rôle important dans la transmission.</li> <li>• Les clades I et II circulent simultanément, mais sont géographiquement séparés, probablement en raison de barrières naturelles telles que les rivières et les hautes terres.</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : 2024</p> <p>Administration étudiée : Cameroun</p> <p>Méthodes utilisées : Étude observationnelle</p>	Caractéristiques personnelles associées à la discrimination (par exemple, l'âge, le handicap)

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Un groupe de cas d'infections par le virus de la mpox de clade I a été signalé en RDC, transmis par contact sexuel, précédemment associé uniquement au clade II</a> (11)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Les résultats indiquent que la variole simienne peut se propager par des voies de transmission non reconnues, soulignant l'importance du dépistage, y compris des approches cliniques, diagnostiques et de surveillance dans les régions endémiques et non endémiques.</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : 2024</p> <p>Administration étudiée : République démocratique du Congo</p> <p>Méthodes utilisées : Étude descriptive</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">L'analyse phylogénétique et l'annotation du génome indiquent qu'une nouvelle lignée (appelée Sous-groupe VI) du clade I de la mpox est à l'origine d'un groupe d'infections présentant un profil mutationnel unique favorisant le pathogène</a> (12)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• L'étude détaille l'annotation du génome, la phylogénie et le profil mutationnel d'une nouvelle éclosion soutenue de variole simienne de clade I à Kamituga, dans l'est de la RDC.</li> <li>• Sept protéines (C9L, I4L, L6R, A17L, A25R, A28L et B21R) sont apparues comme des points chauds de mutation avec des suppressions dans le cadre de lecture, des variants de décalage de phase, des variants synonymes et des substitutions d'acides aminés.</li> <li>• Une suppression du gène D14L (OPG032) a été trouvée dans tous les échantillons.</li> <li>• L'analyse phylogénétique confirme que cette grappe d'infections de mpox est génétiquement distincte des éclosions précédemment signalées du clade I.</li> <li>• Cette éclosion du clade I présente des caractéristiques uniques, notamment la transmission interhumaine par contact hétérosexuel et non sexuel (propagation communautaire), qui sont rarement observées lors des éclosions du clade I.</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : Le 30 avril 2024</p> <p>Administration étudiée : Kamituga, province du Sud-Kivu, RDC</p> <p>Méthodes utilisées : Étude prospective de cohorte observationnelle</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Traitement</li> </ul>	<p><a href="#">Un traitement de 14 jours à base de tecovirimat a été utilisé pour traiter 14 patients atteints de mpox, dont la majorité étaient des femmes d'âge médian de 23 ans en République centrafricaine; la plupart ont été libérés 14 jours après le début du traitement</a> (13)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• L'étude s'est concentrée sur les résultats du tecovirimat, un traitement antiviral pour lutter contre les orthopoxvirus, y compris la mpox.</li> <li>• 14 patients de la République centrafricaine ont été testés positifs à la mpox entre décembre 2021 et février 2022.</li> <li>• L'âge médian était de 23 ans, dont la majorité étaient des femmes.</li> <li>• Le délai médian entre l'apparition des symptômes et le début du traitement était de 21 jours.</li> <li>• Tous les patients présentaient des douleurs musculaires, des lésions (11 personnes avaient plus de 100 lésions), des maux de tête et une lymphadénopathie.</li> <li>• Tous les patients ont reçu un traitement oral de tecovirimat pendant 14 jours (600 mg deux fois par jour).</li> <li>• Au jour 14, 12 patients avaient été libérés et étaient négatifs au test PCR et rétablis.</li> <li>• Le délai médian entre le début du traitement et l'absence de lésions actives était de cinq jours.</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : 30 novembre 2022</p> <p>Administration étudiée : République centrafricaine</p> <p>Méthodes utilisées : Intervention</p>	Non déclaré
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">L'étude suggère que les signaux de sélection positive représentent des signatures d'adaptation de l'hôte, contribuant aux niveaux de virulence différents entre les clades I et II du virus de la mpox</a> (14)</p>	Élevée	Date de publication : 20 mai 2023	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
	<ul style="list-style-type: none"> <li>Des signes de sélection positive ont été détectés dans des gènes liés à l'immunomodulation et à la virulence, suggérant une adaptation aux systèmes immunitaires de l'hôte.</li> <li>Certains gènes montrant une sélection positive sont impliqués dans la manipulation des voies cellulaires de l'hôte pour détecter l'ADN cytosolique, tandis que d'autres pourraient indiquer une évasion des anticorps ou des pressions immunitaires.</li> </ul>		<p>Administration étudiée : Les génomes du virus de la mpox appartenant aux clades I et II ont été récupérés à partir de la base de données du Centre national de biotechnologie de l'information (données principalement utilisées en provenance de la République démocratique du Congo et de la République centrafricaine).</p> <p>Méthodes utilisées : observationnelle</p>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I <ul style="list-style-type: none"> <li>Sous-clade Ia</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Transmissibilité</li> <li>Répartition géographique</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Les séquences du clade Ia de la variole simienne provenant de la République du Congo présentaient une parenté génétique étroite avec les séquences de la RDC au début de l'année 2024, ce qui indique une possible transmission transfrontalière entre les deux pays; il y avait également une indication, à partir de la position phylogénétique des séquences de la République du Congo, que plusieurs souches circulent simultanément dans la population humaine</a> (15)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Des échantillons de cas suspects de variole simienne ont été prélevés dans cinq régions de la République du Congo entre janvier et le 29 avril 2024; un total de 31 cas confirmés ont été inclus.</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : Août 2024 (préimprimé)</p> <p>Administration étudiée : République du Congo, République démocratique du Congo.</p> <p>Méthodes utilisées : Analyse moléculaire d'échantillons de sang</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I <ul style="list-style-type: none"> <li>Sous-clade Ia</li> <li>Sous-clade Ib</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Répartition géographique</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">L'épidémie en RDC implique actuellement une transmission zoonotique impliquant le clade Ia dans les régions endémiques traditionnelles, ainsi qu'une éclosion du clade Ib causée par la transmission de personne à personne dans la partie est du pays</a> (16)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>581 échantillons ont été prélevés sur des individus en RDC, où toutes les nouvelles séquences du virus de la mpox générées appartenaient au clade I.</li> <li>La majorité des échantillons appartenaient au clade Ia, tandis que 17 provenaient de souches du clade Ib provenant de patients infectés en 2024.</li> </ul>	Élevée	<p>Date de publication : Le 22 août 2024</p> <p>Administration étudiée : République démocratique du Congo</p> <p>Méthodes utilisées : Observationnelle</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I</li> </ul> </li> <li>Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>Transmissibilité</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Le virus de la variole simienne isolé lors de cette éclosion de 2005 au Soudan semble être un nouveau virus appartenant au clade du bassin du Congo</a> (17)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Le gène de l'hémagglutinine (942 pb) des virus du Soudan était identique à celui de la souche du virus de la mpox du bassin du Congo MPXV2003_DRC et MPXV1979_Zaire.</li> </ul>	Moyenne	<p>Date de publication : 2023</p> <p>Administration étudiée : État de l'Unité, Soudan</p>	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La transmission interhumaine du virus de la variole simienne a été documentée jusqu'à cinq générations dans trois chaînes de transmission, dont 14 des 19 patients signalant un contact avec un cas suspect de variole simienne avant l'apparition des symptômes.</li> <li>• Le clade I avait 6 changements nucléotidiques par rapport aux souches d'Afrique de l'Ouest.</li> <li>• L'éclosion a présenté un taux de létalité notablement faible, avec les 19 cas de variole simienne identifiés se rétablissant tous de la maladie et aucun décès signalé.</li> </ul>		Méthodes utilisées : Cohorte d'enquête épidémiologique rétrospective	
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> <li>• Prévention et contrôle <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Surveillance et production de rapports</li> </ul> </li> </ul>	<a href="#">Une éclosion nosocomiale de variole simienne en République centrafricaine en 2015-2016, causée par une souche de génotype Zaïre du clade du bassin du Congo, a touché 10 cas et s'est propagée par transmission familiale, liée aux soins de santé et liée aux transports (18)</a>	Moyenne	Date de publication : 2017  Administration étudiée : République centrafricaine  Méthodes utilisées : Série de cas	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> </ul>	<a href="#">Le clade I de la variole simienne présentait des sous-populations diverses sans structuration géographique dans le bassin du Congo, tandis que les clades 2/3 étaient géographiquement structurés, séparés par le couloir dahoméen en Afrique de l'Ouest (19)</a>	Moyenne	Date de publication : 2023  Administration étudiée : Afrique centrale et occidentale  Méthodes utilisées : Analyse rétrospective des génomes du virus de la mpox	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> </ul> </li> <li>• Diagnostic</li> </ul>	<a href="#">Environ un tiers des cas suspects de variole simienne en République centrafricaine ont été confirmés par un test par amplification en chaîne par polymérase (PCR) comme des infections par le virus de la mpox, les lésions actives et les échantillons de croûtes fournissant des charges virales plus élevées et des taux de détection meilleurs que les échantillons de sang (20)</a>	Moyenne	Date de publication : 2023  Administration étudiée : République centrafricaine  Méthodes utilisées : Étude descriptive rétrospective	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> <li>• Diagnostic</li> </ul>	<a href="#">Le MPXV-RCC (amplification de polymérase recombinase (APR) combinée à la détection basée sur CRISPR/Cas12a) s'est révélé rapide et fiable en tant qu'outil de diagnostic pour détecter la mpox en une heure, tout en différenciant les clades et en ne montrant aucune réactivité croisée avec d'autres pathogènes (21)</a>	Moyenne	Date de publication : 2023  Administration étudiée : Chine (étude en laboratoire)  Méthodes utilisées : Élaboration de l'outil de diagnostic	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II</li> </ul> </li> </ul>	<a href="#">Un panel de test visuel a été développé pour détecter l'ADN du virus de la mpox et s'est révélé être un outil hautement spécifique permettant de différencier les clades et fournissant des résultats en moins de 25 minutes (22)</a>	Moyenne	Date de publication : 2023	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>Diagnostic</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Le panel s'est révélé plus sensible que les méthodologies précédentes tout en ne montrant aucune réactivité croisée.</li> </ul>		Administration étudiée : Chine (étude en laboratoire)  Méthodes utilisées : Élaboration de l'outil de diagnostic	
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I</li> </ul> </li> <li>Épidémiologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>Transmissibilité</li> </ul> </li> <li>Présentation clinique               <ul style="list-style-type: none"> <li>Apparition des symptômes et durée</li> <li>Complications</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">La majorité (67 %) des cas de variole simienne se sont manifestés par une éruption cutanée légère, tandis que 33 % ont présenté des manifestations plus graves, le plus souvent observées chez les hommes (69,5 %) et les enfants (60 % de moins de 14 ans) dans les zones forestières (23)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Une exposition élevée aux rongeurs (91 %) et aux primates non humains (77 %) était courante avant l'apparition de l'éruption cutanée.</li> </ul>	Moyenne	Date de publication : 2020  Administration étudiée : République démocratique du Congo  Méthodes utilisées : Étude observationnelle	Caractéristiques personnelles associées à la discrimination (par exemple, l'âge, le handicap)
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I                   <ul style="list-style-type: none"> <li>Sous-clade Ia</li> <li>Sous-clade Ib</li> </ul> </li> <li>Clade II                   <ul style="list-style-type: none"> <li>Sous-clade IIa</li> <li>Sous-clade IIb</li> </ul> </li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">L'hétérogénéité des génomes de variole simienne 2022, y compris les grappes dans le sous-clade 1 et le sous-clade 2, peut inciter les virus à acquérir, tronquer, perdre et supprimer fréquemment des gènes et nécessiter une veille scientifique continue des tendances en termes de virulence et de transmission (24)</a></p>	Moyenne	Date de publication : Octobre 2022  Administration étudiée : Chine  Méthodes utilisées : Préimpression d'une étude d'analyse bio-informatique	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>Biologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>Clade I</li> <li>Clade II                   <ul style="list-style-type: none"> <li>Sous-clade IIb</li> </ul> </li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Le génome du virus de la variole simienne a été séquencé; l'échantillon a démontré une relation étroite avec le clade IIb (25)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>La purification de l'ADN et le séquençage d'un échantillon prélevé sur des lésions vésiculaires d'un patient masculin.</li> <li>L'analyse a révélé une identité de 98,77 % avec le virus de la variole simienne (virus de la mpox) clade I et une identité de 99,42 % avec le clade IIb du virus de la mpox.</li> </ul>	Faible	Date de publication : 2022  Administration étudiée : Colombie  Méthodes utilisées : Analyse du génome du virus de la mpox	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>Prévention et contrôle               <ul style="list-style-type: none"> <li>Mesures non pharmaceutiques permettant de prévenir l'infection</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">L'essai NeuMoDx MPXV a été testé par plusieurs sites européens et américains à l'aide de 296 échantillons cliniques, ce qui a permis de constater une sensibilité analytique globale de 50 copies/mL pour les clades I et II, ainsi qu'une sensibilité élevée (99 %) et une spécificité élevée (96 %) pour les échantillons d'échange de lésions et peut différencier les clades I et II (26)</a></p>	Moyenne	Date de publication : 2024  Administration étudiée : États-Unis, Belgique, Espagne  Méthodes utilisées : Sensibilité et fiabilité d'un test PCR en temps réel	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie</li> <li>• Épidémiologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Les échantillons collectés à Beijing de mai à juillet 2023 ont tous été identifiés comme appartenant à la lignée C.1 du virus de la mpox, dont deux ont été identifiés comme des infections importées de Thaïlande (27)</a></p>	Faible	<p>Date de publication : 2023</p> <p>Administration étudiée : Beijing, Chine</p> <p>Méthodes utilisées : Observationnelle</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie</li> </ul>	<p><a href="#">L'ADN extrait d'une lésion est suffisant pour effectuer un séquençage complet du génome de la souche du virus de la mpox, ce qui permet de comprendre l'origine du virus avec une précision suffisante (28)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• L'étude a évalué le séquençage en temps réel de MinION pour le séquençage du virus de la mpox</li> </ul>	Faible	<p>Date de publication : 24 juin 2022</p> <p>Administration étudiée : République centrafricaine</p> <p>Méthodes utilisées : Observationnelle</p>	Non déclaré
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Diagnostic</li> </ul>	<p><a href="#">L'utilisation des tests PCR en temps réel s'est révélée utile pour tester des échantillons cliniques suspects des deux clades avec un bon niveau de précision, ces tests de diagnostic rapide pouvant donc être une approche utile pour diagnostiquer les cas de mpox (29)</a></p>	Faible	<p>Date de publication : 23 juin 2022</p> <p>Administration étudiée : Belgique</p> <p>Méthodes utilisées : Observationnelle</p>	Aucune mentionnée
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Clade I</li> <li>○ Clade II                   <ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Sous-clade IIa</li> <li>▪ Sous-clade IIb</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>• Épidémiologie               <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Transmissibilité</li> <li>○ Répartition géographique</li> </ul> </li> <li>• Prévention et contrôle               <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Information et éducation (par exemple, y compris la communication des risques)</li> <li>○ Surveillance et production de rapports</li> </ul> </li> </ul>	<p><a href="#">Les cliniciens ont montré une précision modérée, mais une fiabilité médiocre lorsqu'il s'agissait de distinguer le clade I de la mpox de la varicelle en se basant sur la présentation des lésions (par exemple, l'apparence des lésions cutanées) et ont rencontré des difficultés pour classer de manière cohérente les stades des lésions, en particulier lorsque plusieurs types de lésions étaient présents, soulignant ainsi la nécessité de ressources diagnostiques améliorées et d'une formation dans les contextes à faibles ressources (c'est-à-dire, les zones ayant un accès limité aux installations et aux outils médicaux) (30)</a></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• L'étude visait à évaluer la fiabilité et l'accord entre les cliniciens dans le diagnostic du clade I de la mpox par rapport à la varicelle (c'est-à-dire différencier entre deux maladies) et dans la classification des stades de lésions (par exemple, identifier la progression des lésions cutanées) en se basant sur les signes et symptômes cliniques.</li> <li>• Cela impliquait de présenter aux cliniciens 17 images de lésions du clade I de la mpox et de la varicelle afin d'évaluer leur capacité à diagnostiquer et à catégoriser les stades des lésions.</li> <li>• L'étude a identifié une précision modérée, une fiabilité médiocre et un accord modéré entre les cliniciens lorsqu'il s'agit de distinguer entre le clade I de la mpox et la varicelle en se</li> </ul>	Faible	<p>Date de publication : 2024</p> <p>Administration étudiée : République démocratique du Congo, République centrafricaine, France, Belgique, Suisse, Royaume-Uni et Nigeria</p> <p>Méthodes utilisées : Une étude de fiabilité et d'accord interévaluateurs utilisant un questionnaire</p>	Aucune mentionnée

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Diagnostic</li> <li>• Présentation clinique               <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Variabilité dans la présentation clinique</li> </ul> </li> <li>• Pronostic (par exemple, gravité clinique, y compris morbidité et mortalité)</li> </ul>	<p>basant sur la présentation des lésions (par exemple, des différences visibles dans les lésions cutanées).</p>			

## Annexe 5 : Documents exclus aux étapes finales de l'examen

Type de document	Titre avec hyperlien
Synthèses de données probantes	<a href="#">Neurological and psychiatric presentations associated with human monkeypox virus infection: A systematic review and meta-analysis</a>
	<a href="#">The changing epidemiology of human monkeypox—a potential threat? A systematic review</a>
Études individuelles	<a href="#">Genetic insights into the microevolutionary dynamics and early introductions of human monkeypox virus in Mexico</a>
	<a href="#">Anal monkeypox disease: Description of 65 cases</a>
	<a href="#">Monkeypox outbreak 2022, from a rare disease to global health emergency: Implications for travellers</a>
	<a href="#">Recombinase polymerase amplification assay for rapid detection of Monkeypox virus</a>
	<a href="#">Molecular evolution of 2022 multi-country outbreak-causing monkeypox virus clade IIb</a>
	<a href="#">Real-time PCR assays for the specific detection of monkeypox virus West African and Congo Basin strain DNA</a>
	<a href="#">Epidemiology of the 2022 mpox outbreak in the US Veterans Health Administration</a>
	<a href="#">Phylogenomic analysis of the monkeypox virus (MPXV) 2022 outbreak: Emergence of a novel viral lineage?</a>
	<a href="#">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</a>
	<a href="#">U.S. preparedness and response to increasing clade I mpox cases in the Democratic Republic of the Congo – United States, 2024</a>
	<a href="#">Interim clinical Treatment Considerations for Severe Manifestations of mpox – United States, February 2023</a>
	<a href="#">Viral dynamics in patients with monkeypox infection: A prospective cohort study in Spain</a>
	<a href="#">Incubation period, serial interval, generation time and reproduction number of mpox clade I</a>
	<a href="#">Orthopoxvirus-specific antibodies wane to undetectable levels one year after MVA-BN vaccination of at-risk individuals</a>
	<a href="#">Intrafamily transmission of Monkeypox Virus, Central African Republic, 2018</a>
	<a href="#">Maternal and fetal outcomes among pregnant women with human monkeypox infection in the Democratic Republic of Congo</a>
	<a href="#">Modelling human-to-human transmission of monkeypox</a>
	<a href="#">Potential for monkeypox exportation from West and Central Africa through global travel networks</a>
<a href="#">Tecovirimat for Monkeypox in Central African Republic under expanded access</a>	
Descriptions	<a href="#">The global alarm bell is ringing due to the threat of potential severe cases and deaths caused by clade I of monkeypox virus</a>
	<a href="#">Clinical review of human mpox</a>

## Références

1. Sharif N., Sharif N., Alzahrani K. J. et al. Molecular epidemiology, transmission and clinical features of 2022-mpox outbreak: A systematic review. *Health Science Reports* 2023; 6(10): e1603.
2. Beer E. M., Rao V. B. A systematic review of the epidemiology of human monkeypox outbreaks and implications for outbreak strategy. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 2019; 13(10): e0007791.
3. Fox T., Gould S., Princy N., Rowland T., Lutje V., Kuehn R. Therapeutics for treating mpox in humans. *Cochrane Database of Systematic Reviews* 2023; 3(3): CD015769.
4. Anjorin A., Odetokun I., Ashaka O. et al. Critical appraisal of Mpox (Monkeypox) in Africa using scoping and systematic reviews: Epidemiology, biochemistry, phylogeny, pathogenesis, clinical features, diagnosis, treatment, biosecurity and one health. Pre-print 2023.
5. Sun Y-Q., Chen J-J., Liu M-C., et al. Mapping global zoonotic niche and interregional transmission risk of monkeypox: A retrospective observational study. *Globalization and Health* 2023; 19(1): 58.
6. DeWitt M. E., Polk C., Williamson J. et al. Global monkeypox case hospitalisation rates: A rapid systematic review and meta-analysis. *eClinicalMedicine* 2022; 54: 101710.
7. Van Dijk C., Hoff N. A., Mbala-Kingebeni P. et al. Emergence of mpox in the post-smallpox 2014: A narrative review on mpox epidemiology. *Clinical Microbiology and Infection* 2023; 29(12): 1487-1492.
8. Schuele L., Masirika L. M., Udahehuka J. C. et al. Real-time PCR assay to detect the novel Clade Ib monkeypox virus, September 2023 to May 2024. *Eurosurveillance* 2024; 29(32): 2400486.
9. Pesonel E., Hoffmann I., Guiraud L. et al. MOSAIC: A cohort study of human mpox virus disease. *Wellcome Open Research* 2023; 8(415).
10. Djuicy D., Sadeuh-Mba S., Bilounga C. et al. Concurrent clade I and clade II Monkeypox virus circulation, Cameroon, 1979–2022. *Emerging Infectious Disease Journal* 2024; 30(3): 432.
11. Kibungu E., Vakaniaki E., Kinganda-Lusamaki E. et al. Clade I-associated Mpox cases associated with sexual contact, the Democratic Republic of the Congo. *Emerging Infectious Disease Journal* 2024; 30(1): 172.
12. Masirika L. M., Kumar A., Dutt M. et al. Complete genome sequencing, annotation, and mutational profiling of the novel clade I human Mpox virus, Kamituga strain. *Journal of Infection in Developing Countries* 2024; 18(4): 600-608.
13. Mbrennga F., Nakouné E., Malaka C. et al. Tecovirimat for monkeypox in Central African Republic under expanded access. *New England Journal of Medicine* 2022; 387(24): 2294-2295.
14. Molteni C., Forni D., Cagliani R., Arrigoni F., Pozzoli U., De Gioia L., Sironi M. Selective events at individual sites underlie the evolution of monkeypox virus clades. *Virus Evolution* 2023; 9(1): vead031.
15. Yinda C. K., Koukouikila-Koussounda F., Mayengue P. I. et al. Likely cross-border introductions of MPXV Clade I into the Republic of the Congo from the Democratic Republic of the Congo. *medRxiv* 2024: 2024.08.21.24312265.
16. Kinganda-Lusamaki E., Amuri-Aziza A., Fernandez N. et al. Clade I Mpox virus genomic diversity in the Democratic Republic of the Congo, 2018 - 2024: Predominance of zoonotic transmission. *medRxiv* 2024: 2024.08.13.24311951.
17. Formenty P., Muntasir M. O., Damon I. et al. Human monkeypox outbreak caused by novel virus belonging to Congo Basin clade, Sudan, 2005. *Emerging Infectious Disease Journal* 2010; 16(10): 1539-1545.
18. Nakoune E., Lampaert E., Ndjapou S. G. et al. A nosocomial outbreak of human monkeypox in the Central African Republic. *Open Forum Infectious Diseases* 2017; 4(4): ofx168.

19. Forni D., Molteni C., Cagliani R., Sironi M. Geographic structuring and divergence time frame of monkeypox virus in the endemic region. *The Journal of Infectious Diseases* 2022; 227(6): 742-751.
20. Garba-Ouangole S., Bourner J., Mbrennga F. et al. Laboratory diagnosis of mpox, Central African Republic, 2016–2022. *Emerging Infectious Disease Journal* 2023; 29(9): 1846.
21. Gong L., Chen X., Wang Y., Liang J., Liu X., Wang Y. Rapid, sensitive, and highly specific detection of monkeypox virus by CRISPR-based diagnostic platform. *Frontiers in Public Health* 2023; 11: 1137968.
22. Huang P., Huang Z., Liu M. et al. A visual assay panel for the identification of monkeypox virus DNA belonging to the clades I and II. *Virologica Sinica* 2023; 38(4): 635-638.
23. Doshi R. H., Alfonso V. H., Morier D. et al. Monkeypox rash severity and animal exposures in the Democratic Republic of the Congo. *Ecohealth* 2020;17(1): 64-73.
24. Li Y., Hou J., Sun Z. et al. Monkeypox virus 2022, gene heterogeneity and protein polymorphism. *Signal Transduction and Target Therapy* 2023; 8(1): 278.
25. Laiton-Donato K., Álvarez-Díaz D. A., Franco-Muñoz C. et al. Monkeypox virus genome sequence from an imported human case in Colombia. *Biomédica* 2022; 42: 541-545.
26. Mostafa H. H., Wall G., Su S-C. et al. Multi-center evaluation of the Research Use Only NeuMoDx monkeypox virus (MPXV) fully automated real-time PCR assay. *Journal of Clinical Microbiology* 2024; 62(5): e00028-e00024.
27. Daitao Z., Haoyuan J., Yulan S. et al. Vital surveillances: Genetic features of 84 genomes of Monkeypox virus in recent circulation – Beijing municipality, China, 2023. *China CDC Weekly* 2023; 5(41): 918-921.
28. Vandebogaert M., Kwasiborski A., Gonofio E. et al. Nanopore sequencing of a monkeypox virus strain isolated from a pustular lesion in the Central African Republic. *Scientific Reports* 2022; 12(1): 10768.
29. Wawina-Bokalanga T., Sklenovska N., Vanmechelen B. et al. An accurate and rapid Real-time PCR approach for human Monkeypox virus diagnosis. *medRxiv* 2022: 2022.06.23.22276033.
30. Bourner J., Garcia-Gallo E., Mbrennga F. et al. Challenges in clinical diagnosis of clade I mpox: Highlighting the need for enhanced diagnostic approaches. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 2024; 18(6): e0012087.

Wu N., Waddell K., Bhuiya A., Bain T., Demayo P., Grewal E., Ali A., Alam S., Loeb M., Wilson M. G. Profil de preuves vivantes 6.12: Meilleures données probantes disponibles relatives à l'éclosion de mpox. Hamilton: McMaster Health Forum, 30 août 2024.

Ce profil de preuve rapide a été financé par l'Agence de la santé publique du Canada. Le Forum de la santé de McMaster reçoit à la fois un soutien financier et en nature de l'Université McMaster. Les opinions exprimées dans le profil de preuve rapide sont celles des auteurs et ne doivent pas être prises pour représenter les opinions de l'Agence de la santé publique du Canada ou de l'Université McMaster.