

壽山台灣獼猴(*Macaca cyclopis*)腸道線蟲的種類及分布

Intestinal Nematodes in Taiwanese Macaques (*Macaca cyclopis*) and Distribution in Shoushan

陳貞志^{1,*} 章愛梅² 陳彥涵² 裴家騏^{1,3}

Chen-Chih Chen^{1,*}, Ai-Mei Chang², Yen-Han Chen², Kurtis Jai-Chyi Pei^{1,3}

¹ 國立屏東科技大學獸醫學院野生動物保育研究所

² 國立屏東科技大學獸醫學院獸醫學系

³ 國立東華大學環境學院自然資源與環境學系

¹ Institute of wildlife conservation, College of Veterinary Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

² Department of Veterinary Medicine, College of Veterinary Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

³ Also being a faculty of Department of Natural Resources and Environmental Studies, College of Environmental Studies, National Dong Hwa University

*通訊作者：ychih0502@gmail.com

* Corresponding author: ychih0502@gmail.com

摘 要

壽山國家自然公園地區之台灣獼猴因長期與遊客之間接觸，或因遊客不當行為及餵食導致台灣獼猴出現搶食甚至攻擊遊客之情形，因而增加了人畜共通傳染病傳播的風險。為了解台灣獼猴所帶原之人畜共通腸道線蟲感染情形，本研究利用糞便蟲卵檢測及分子生物學檢測法，針對壽山地區之台灣獼猴進行腸道寄生蟲物種鑑定。此外，本研究亦應用地理資訊系統及空間統計模式於流行病學資料分析以了解寄生蟲於此地區之空間分布現象。於 178 個台灣獼猴糞便有效樣本中，共檢出人鞭蟲(*Trichuris trichiura*)、腸結節蟲(*Oesophagostomum aculeatum*)、福氏桿

線蟲(*Strongyloides fuelleborni*)、毛圓線蟲(*Trichostrongylus* sp.)等腸道寄生蟲。各腸道寄生蟲之感染率(95%信賴區間)分別爲人鞭蟲 36.0% (28.9-43.0%)；福氏桿線蟲 18.0% (12.3-23.6%)；腸結節蟲 9.6% (5.2-13.9%)；毛圓線蟲 3.9% (1.1-6.8%)。流行病學分析結果顯示台灣獼猴所感染之腸道線蟲，包含人鞭蟲、福氏桿線蟲及腸結節蟲無顯著的空間及季節分布差異。本研究結果顯示壽山地區之獼猴族群所帶原之腸道線蟲，具有潛在的人畜共通傳播風險，野生動物管理及防疫單位應予以重視相關議題，也應持續進行監控以了解影響寄生蟲分布之因子，而本研究結果可做爲遊客及棲地經營管理之參考。

Abstract

The frequent contact between human and Taiwanese macaques (*Macaca cyclopis*) has raised concerns of zoonosis transmission in Shoushan National Nature Park. This study was aimed to understand the species and epidemiology of selected zoonotic intestinal nematoda in the population of Taiwanese macaque in Shoushan. One hundred and seventy-eight macaque fecal samples were collected for intestinal nematoda screening. In those samples, four intestinal nematoda were identified morphologically and by molecular technique. Those were *Trichuris trichiura*, *Oesophagostomum aculeatum*, *Strongyloides fuelleborni*, *Trichostrongylus* sp.. The prevalence (95% confidence interval) of the four parasites were 36.0% (28.9-43.0%), 9.6 % (5.2-13.9%), 18.0% (12.3-23.6%), and 3.9% (1.1-6.8%), respectively. In this study, we also attempted to identify high prevalence areas as “hotspots” of intestinal parasites by utilizing Geographic Information System and spatial statistical models. However, we did not find any significant difference in spatial and temporal distribution for the parasite of *T. trichiura*, *O. aculeatum*, *S. fuelleborni* in the sampling area. Our findings indicated the potential risk of pathogen transmission between Taiwanese macaques and human. These results are critical information for the management of zoonotic pathogens in the Taiwanese macaques and prevention of pathogen transmission between human and macaques.

關鍵詞：壽山國家自然公園、靈長類、腸道寄生蟲、人畜共通疾病、保育醫學

Key words: Shoushan National Nature Park, primate, intestinal parasites, zoonosis, conservation medicine

收件日期：2016年04月06日 接受日期：2016年06月13日

Received: April 06, 2016

Accepted: June 13, 2016

前 言

台灣獼猴(*Macaca cyclopis*)為台灣特有種，因其族群數量穩定，已於 2008 年，由珍貴稀有保育類動物改列為其他應予保育物種。牠們是台灣許多自然環境中，常見的較大型野生哺乳動物，但也因長期與人類接觸或因遊客不當餵食，導致部分遊憩區台灣獼猴出現搶食，甚至攻擊民眾之情形逐漸增加，也同時增加了人畜共通傳染病傳播的風險。

靈長類動物由於與人類之親緣關係相近，細胞結構與生理現象皆非常的類似，所以能夠感染靈長類動物之病原體也常在人畜間共通傳染(Wallis and Lee 1999)，或者可以發現親緣關係非常接近的病原體分別感染人類及靈長類物種(Renquist and Whitney Jr 1987)，如猿猴免疫缺乏病毒(simian immunodeficiency virus；SIV)及人類免疫缺乏病毒(human immunodeficiency virus；HIV)(Huet *et al.* 1990)。再者，當病原體從長期適應演化之靈長類宿主跨入人類身體後，往往造成更嚴重之疾病(Wilson 1995)，其中在獼猴屬中最著名的例子當屬獼猴所帶原之疱疹 B 病毒(*Cercopithecine herpesvirus 1*)；獼猴為疱疹 B 病毒之自然宿主，曾檢驗過之物種包含：恆河獼猴(*M. mulatta*)、馬來獼猴(*M. fascicularis*)、截尾獼猴(*M. arctoides*)、豬尾猴(*M. nemestrina*)、綺帽獼猴(*M. radiata*)、日本獼猴(*M. fuscata*)及台灣獼猴，且都發現有極高比例感染 B 病毒的現象(陳與裴 2005，(Weigler 1992)。帶原之獼猴通常無病變或非常輕微之口腔或生殖道病變，如牙齦及口腔水泡、潰瘍及結膜炎(Huff and Barry 2003)，

但當疱疹 B 病毒感染人類時，病毒會延著周邊神經侵犯至脊髓神經而後至腦部，而引起腦脊髓炎甚至導致死亡(Cohen *et al.* 2002)。

獼猴所帶原之寄生蟲也在近年發現對人類具有潛在的危險性。應用分子生物學於寄生蟲診斷時，發現東南亞馬來獼猴及豬尾猴所帶原之 *Plasmodium knowlesi* 瘧原蟲，其感染人類之陽性率不但高，並且具高病原性及致死性，此瘧原蟲過去僅以顯微鏡進行型態學鑑定，且均被誤診為對人類較不具致病性之 *P. malariae* (Cox-Singh *et al.* 2008)。靈長類動物也可能因為感染以人類為保毒宿主的病原，而造成嚴重的族群衝擊(Wolfe *et al.* 1998)，例如：小兒麻痺病毒(poliovirus)與結核病(tuberculosis)都曾感染野生靈長類族群並造成大量死亡(Dowdle and Birmingham 1997; Wolfe *et al.* 1998)。

另一方面，由於人與靈長類動物有許多共通的疾病，因此靈長類動物也相當於人類疾病預警系統中的哨兵物種(sentinel species)(Wolfe *et al.* 1998)。1956 年在印度發現的新型黃病毒 Kyanasur Forest virus，就是因為大規模的綺帽獼猴(*Macaca radiata*)及長尾葉猴(*Semnopithecus entellus*)感染此病毒死亡而被發現(Wolfe *et al.* 1998)。非洲的依波拉病毒疫情爆發的過程中，黑猩猩常是最早發現死亡的物種，而後再有人類案例(Morell 1995)。因此，對於靈長類動物族群的病原監控，除可預防人畜共通病原相互傳播，以及做為疾病爆發的預警系統外，同時對於靈長類動物的保育及經營管理成效，也會有極大的貢獻。

台灣獼猴感染之腸道線蟲(Nematoda)具有高度人猴互相傳播的危險性，早在1960年代，即有學者進行過調查，並發現有：鞭蟲(*Trichuris* sp.)、桿線蟲(*Strongyloides* sp.)、腸結節蟲(*Oesophagostomum* sp.)、蛔蟲(*Ascaris* sp.)、鉤蟲(*Ancylostoma* sp.)、毛圓線蟲(*Trichostrongylus* sp.)、毛細線蟲(*Capillaria* sp.)及蟯蟲(*Enterobius* sp.)等腸道線蟲(林 1997；趙 2011, Kim and Bergner Jr 1964; Myers and Kuntz 1964; Kuntz and Myers 1969)；另外，Lau *et al.* (2002)亦曾發現台灣民眾感染台灣獼猴絲狀蟲(*Macacanema formosana*)，並造成眼球移行及嚴重的眼球病變。然而，過去寄生蟲物種之鑑定端賴蟲體或蟲卵之型態學，因此在許多型態上極為接近之寄生蟲種類，常會有鑑定錯誤之問題，或無法判別出多寄生蟲物種混合感染的情形(McManus and Bowles 1996)。由於不同寄生蟲物種之間的傳播模式及生活史差異，鑑定錯誤的結果更會造成進一步的流行病學研究結果的錯誤，並影響防疫及管理的工作進行。本研究之目的旨在了解壽山地區與民眾接觸頻繁之獼猴腸道線蟲種類，而為求物種鑑定之正確性，本研究並搭配分子生物學方法，進行寄生蟲物種之鑑定；另外，在確認所感染之腸道線蟲後，估算其陽性率以及在當地的分布變化，以了解其流行病學以及空間分布狀況，並做為野生台灣獼猴帶原人畜共通寄生蟲之防疫，以及經營管理基礎。

材料與方法

一、研究樣區概述

本研究於2014年6月至10月在高雄市的壽山國家自然公園內的壽山地區進行樣本資料之收集(圖 1)。壽山地區屬於熱帶季風氣候，為高位珊瑚礁地形，具有許多洞穴及谷地地形。依據中央氣象局2014年之監測資料顯示，2014年一月至十二月高雄市地區之年平均氣溫為25.6，最低月均溫為一月之19.5°C；最高月均溫為7月之30.3°C，降雨量以一月份雨量0公釐最低；八月份雨量902公釐最高(圖 1) (資料來源：交通部中央氣象局網站 <http://www.cwb.gov.tw/V7/climate/monthlyData/mD.htm>)。依據近年來針對壽山地區進行的族群估算結果顯示，此地區之台灣獼猴族群量約為1200-1500隻個體(裴 2008，裴與賴 2014，蘇與粘 2013)。

二、糞便樣本收集及腸道線蟲檢測

本研究在所設定的5條樣線上收集新鮮的獼猴糞便樣本(圖 1)，並記錄糞便採樣點之台灣TWD97系統二度分帶GPS位置。每堆糞便樣本經混合均勻後，各稱取一克重浸泡於Merthiolate-iodine-formaldehyde (MIF)保存溶液及70%酒精中保存。

浸泡於MIF溶液之糞便樣本以沉澱法依Roepstorff and Nansen (1998)所描述之流程進行檢測：MIF保存之糞便先經篩網過濾移除雜質後，以3000rpm轉速離心10分鐘，移棄上清液體，加入14公克的蒸餾水搖晃均勻，取1/3量之混和液體，再次以3000rpm轉速離心10分鐘，棄上清液體後，加入3ml的ethyl acetate，

以 1500rpm 轉速離心 2 分鐘，離心後糞便混合液形成四層分層，分別為 1.ethyl acetate；2.殘渣層；3.MIF 溶液層；4.沉澱層，移除上方的三層並吸取最下方之沉澱層進行顯微鏡鏡檢，並記錄腸道線蟲之蟲卵種類。

以酒精保存之糞便混合液則進行蟲卵分離及 DNA 萃取，其流程為以 3000rpm 轉速離心 10 分鐘，移除酒精上清液體，加入無菌蒸餾水清洗殘餘酒精，再以同轉速離心後，棄上清液並加入 100ug 之 glass beads，依序進行-80°C 冰箱冷凍、100°C 水浴槽加熱及高速振盪各 10 分鐘，連續進行 3 次此冰凍、加熱及振盪之循環過程以破壞寄生蟲卵之卵殼以釋出 DNA(Demeler *et al.* 2013)，之後以 QIAamp DNA stool mini kit (Qiagen, Germany)進行 DNA 萃取及聚合酶鏈鎖反應。DNA 萃取依套組所附之流程進行。

本研究針對每一寄生蟲種類及蟲卵進行聚合酶鏈鎖反應(Polymerase Chain Reaction; PCR)檢測及 DNA 定序，以確認於台灣獼猴之寄生蟲感染種類。聚合酶鏈鎖反應所選用之引子對及其反應時之黏合溫度如表 1。確定 PCR 目標產物後，將純化之 PCR 產物及引子送交生技公司(基龍米克斯, Genomics)以自動定序儀進行 PCR 產物的雙向定序，定序後之結果於 National Center for Biotechnology Information (NCBI)基因資料庫進行序列比對以確認產物序列片段為各寄生蟲之目

標基因序列。雙向序列進行比對並組合成單股正向序列後，使用 MEGA version 4(Molecular evolutionary genetics analysis)軟體(Tamura *et al.* 2007)之 Alignment 功能並以 Clustal W 法進行多重序列比對(Higgins *et al.* 1994)，再以肉眼進行序列手動校正。本研究以 Kimura 雙參數模式 Kimura-2-parameter model 進行鹼基替換率及遺傳距離之計算。另分別選定相近種作為序列分析之外群種類，所有的序列以距離法(Distance-based Methods)，先算出遺傳距離，再以鄰近歸群法(Neighbor-joining, NJ)進行演化親緣關係樹之構建，並搭配 bootstrap 法，將原始序列進行 1000 次的重覆取樣以檢測其可信度，並以此建構親緣關係樹(Kimura 1980)。

三、資料分析

本研究依各項腸道線蟲之檢測結果計算各線蟲感染陽性率及 95% 信賴區間。同時，各線蟲種類之空間分布為評估影響線蟲分布因子的重要依據，再者亦為病原防疫及經營管理之重要資訊。本研究應用 SaTScan™ (Version 9.3)空間統計軟體來進行各病原之空間分佈統計，由於樣本檢測結果為陽性與陰性之資料型態，因此資料分析選擇以 Bernoulli 空間統計模式進行之(Coleman *et al.* 2009; Kulldorff 2014)。

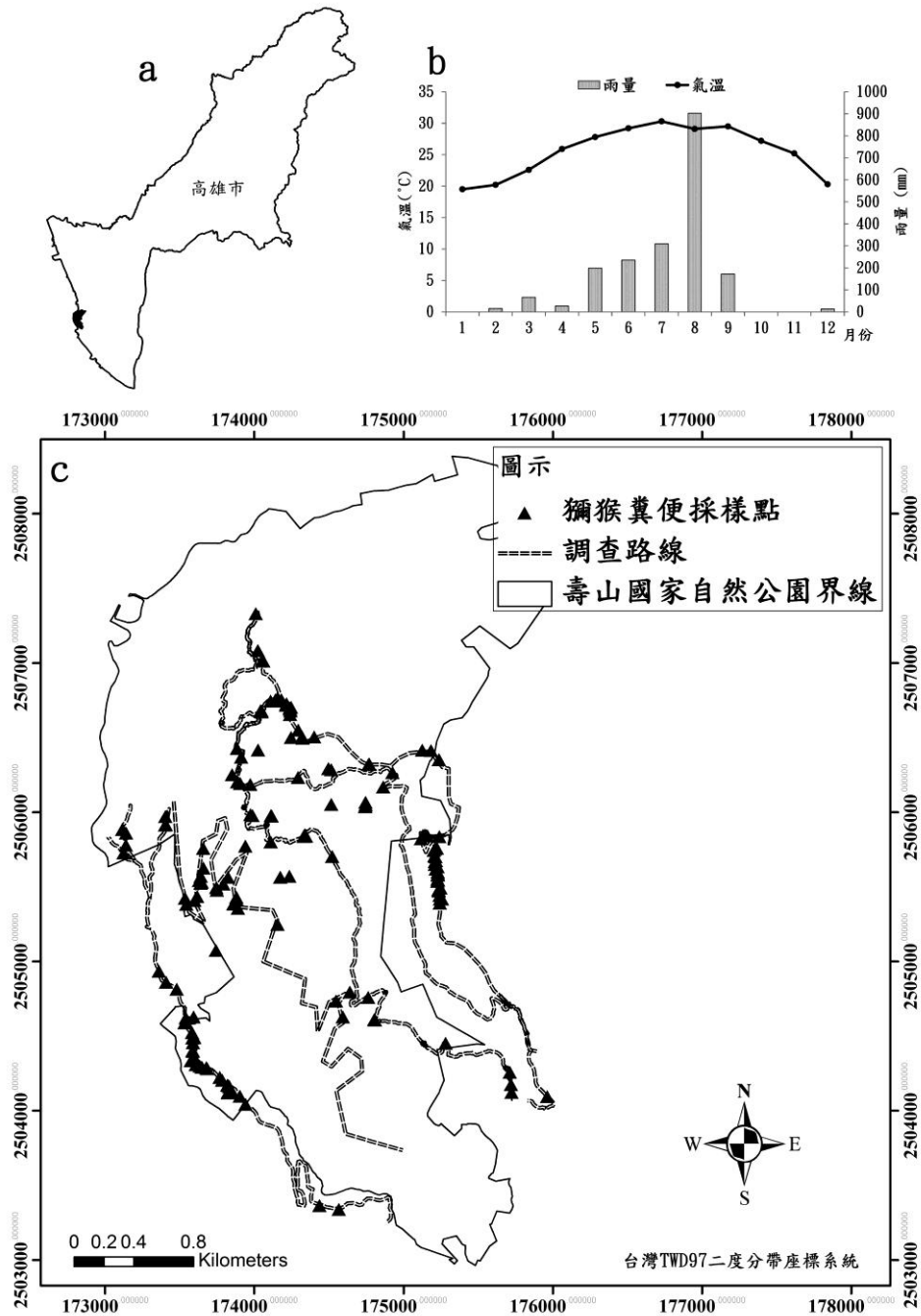


圖 1 研究樣區(a)：壽山國家自然公園於高雄市之相對位置；(b)：資料收集樣區氣候狀況及(c)：糞便樣本採集點位置。

Fig. 1. The location (a) and climate condition (b) of ShouShan National Nature Park in Kaohsiung City, and (c) sampling sites of Taiwanese macaque fecal samples

表 1. 本研究所選用之寄生蟲鑑定用基因片段及引子序列

Table 1. Target genes and primers selected for nematode identification

引子名	寄生蟲/目標基因	引子序列(5'端-3'端)	Ta 值 ¹	參考文獻
Str-ITS2F	<i>Strongyloides</i> spp./ITS2 ²	5'-GCTAAGCAGAGCCTTAAATT-3'	52 °C	(Arizono <i>et al.</i> 2012)
Str-ITS2R	<i>Strongyloides</i> spp./ITS2	5'-TCCGCTTAACGATATGCTTA-3'	52 °C	(Arizono <i>et al.</i> 2012)
		Trichuris semi-nested PCR		
NC5	<i>Trichuris</i> spp./ITS2	Outer primer : NC5-NC2 5'-GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT-3'	58 °C	(Cutillas <i>et al.</i> 2009)
		Trichuris semi-nested PCR		
NC2	<i>Trichuris</i> spp./ITS2	Inner primer : Tri-ITS2-NC2 5'-TTAGTTTCTTTTCCTCCGCT-3'	55 °C	(Cutillas <i>et al.</i> 2009)
Tri-ITS2	<i>Trichuris</i> spp./ITS2	5'-CTCGTAGGTCGTTGAAGAAC-3'	55 °C	(Cutillas <i>et al.</i> 2009)
NC1 ³	Strongylida/ITS2	5'-ACGTCTGGTTCAGGGTTGTT-3'	55 °C	(Demeler <i>et al.</i> 2013)
NC2	Strongylida/ITS2	5'-TTAGTTTCTTTTCCTCCGCT-3'	55 °C	(Demeler <i>et al.</i> 2013)

¹引子黏合溫度；²ITS2：Internal transcribed spacer 2 gene；³圓線蟲目之 universal primer，適用於增幅腸結節蟲及毛圓線蟲之 ITS2 基因片段。

結果

一、台灣獼猴腸道線蟲之檢測

於 178 個台灣獼猴糞便樣本中（圖 1），共檢測出 4 種腸道線蟲之蟲卵及蟲體。所有檢測出之腸道線蟲除毛圓線蟲 (*Trichostrongylus* sp.) 因蟲卵量過低，無法有效增幅出足量的 DNA 外，其餘均完成 DNA 定序，經比對 NCBI 基因資料庫後，於樣本中所分離出之其他腸道線蟲分別鑑定為人鞭蟲 (*Trichuris trichiura*)、腸結節蟲 (*Oesophagostomum aculeatum*) 及福氏桿線

蟲 (*Strongyloides fuelleborni*) (圖 2)。顯微鏡下依蟲卵型態學檢測結果，台灣獼猴線蟲感染率由高至低分別為人鞭蟲 36.0% (95% 信賴區間：28.9-43.0)、福氏桿線蟲 18.0% (12.3-23.6)、腸結節蟲 9.6% (5.2-13.9) 和毛圓線蟲 3.9% (1.1-6.8)。

本研究中，鞭蟲、腸結節蟲及福氏桿線蟲均利用 ITS2 基因來做為物種鑑定之目標基因，然而因為此段基因不轉譯成任何胺基酸，其演化不受天擇作用並且具極高的突變率，也因此於比對 NCBI 基因資料庫中同一物種之腸道線蟲時，序列並非

完全相同。為進一步確認寄生蟲之物種，再以本研究所增幅之基因片段序列，與 NCBI 基因資料庫中同屬物種之同一基因片段進行親緣關係分析，結果也顯示三種腸道線蟲均位於所鑑定物種之叢集內(圖 3)。

二、台灣獼猴腸道線蟲之空間分布

所有樣本中以鞭蟲、福氏桿線蟲、腸結節蟲之感染率較高，因此僅選擇上述腸道線蟲進行空間統計分析。Bernoulli 模式空間掃描統計結果顯示，鞭蟲、福氏桿線蟲、腸結節蟲之統計機率值分別為 0.104、0.189 及 0.118，均無顯著的空間聚集現象。

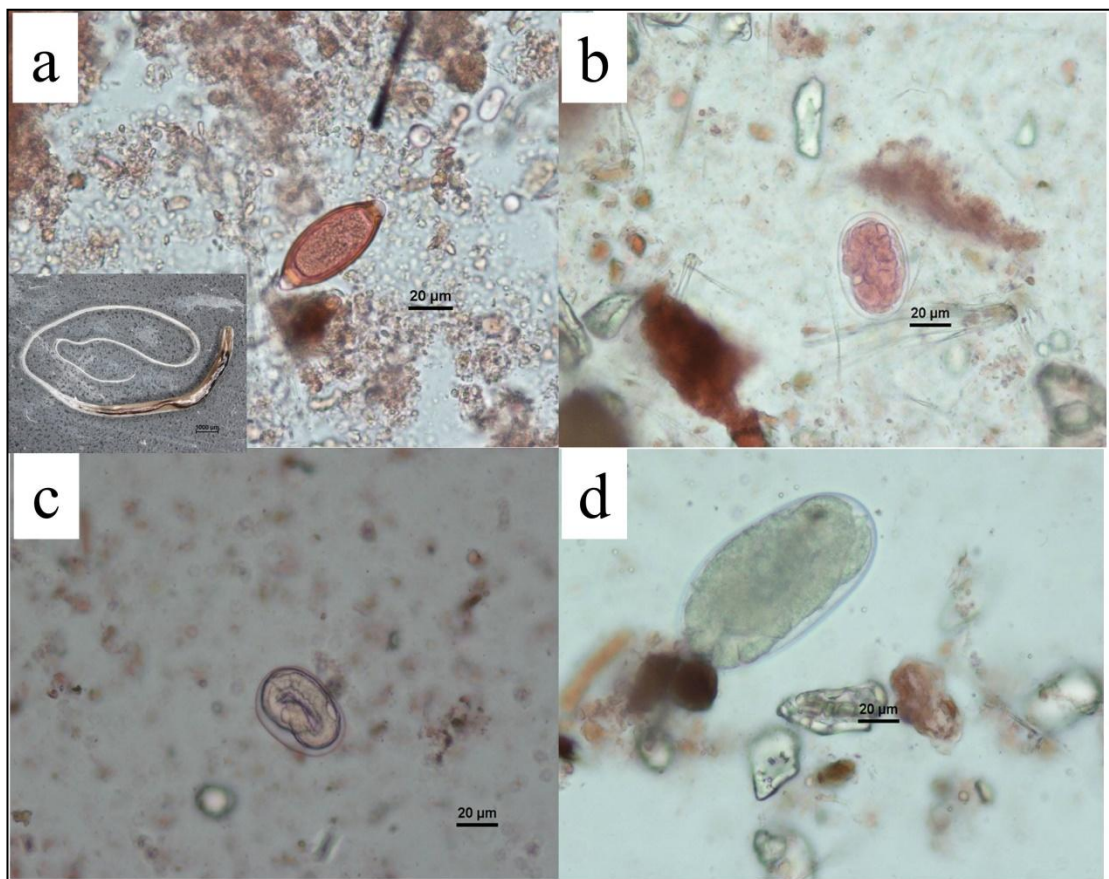


圖 2. 台灣獼猴之腸道線蟲種類。a：人鞭蟲(*Trichuris trichiura*)蟲卵及其雌性成蟲之蟲體外觀(左下方小圖)；b：腸結節蟲(*Oesophagostomum aculeatum*)之蟲卵外觀；c：福氏桿線蟲(*Strongyloides fuelleborni*)卵外觀；d：毛圓線蟲(*Trichostrongylus* sp.)卵外觀。

Fig. 2. The parasitic nematodes found in the Taiwanese macaques in this study. a: the ova of *Trichuris trichiura* and adult female (small figure at the lower-left side); b: the ova of *Oesophagostomum aculeatum*; c: the ova of *Strongyloides fuelleborni*; d: the ova of *Trichostrongylus* sp

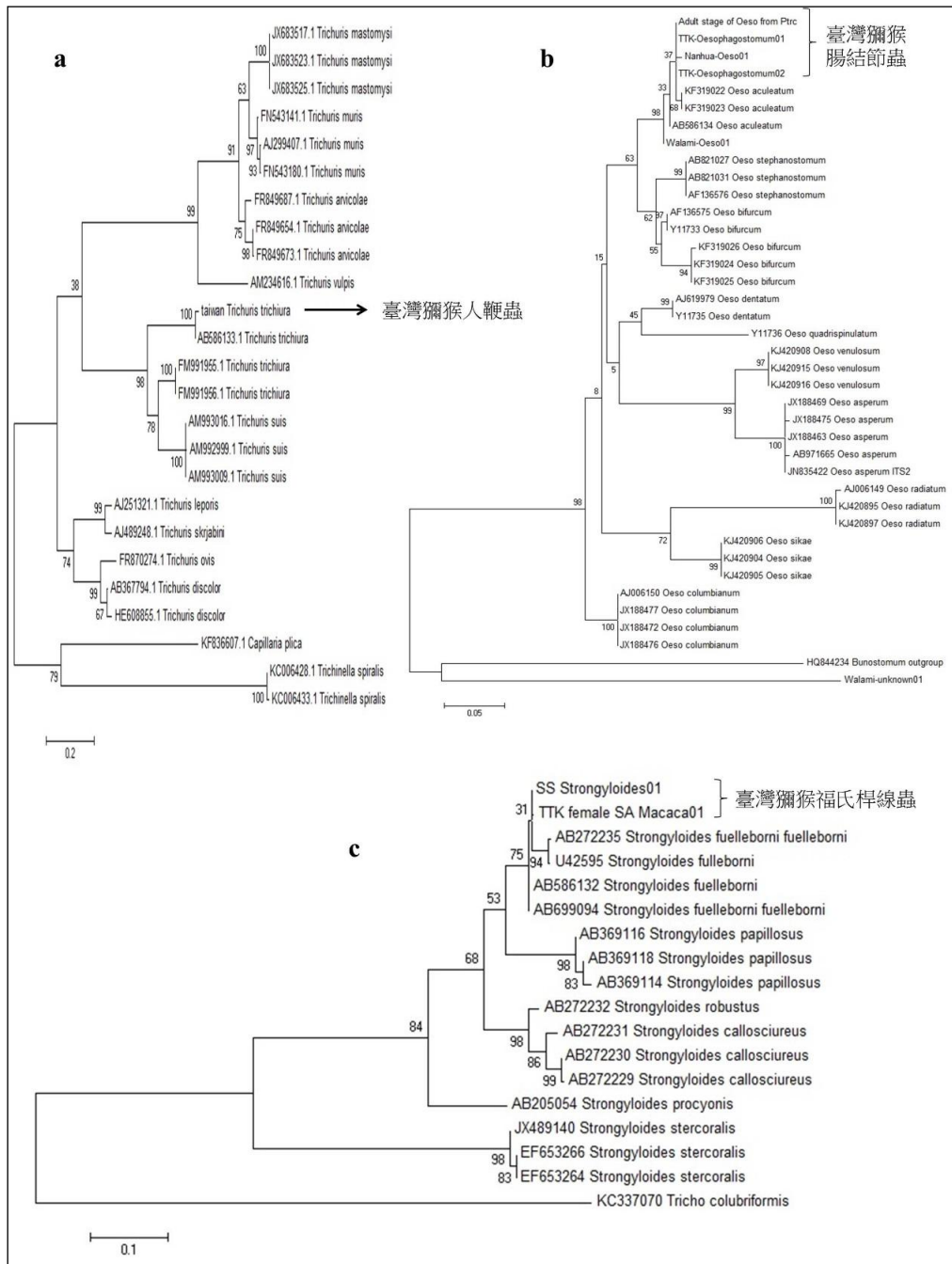


圖 3. 台灣獼猴所分離之：a. 鞭蟲；b. 腸結節蟲；及 c. 福氏桿線蟲，與 NCBI 資料庫下載近似物種之 ITS2 基因 DNA 序列親緣樹。

Fig 3. Constructed phylogenetic relationship of: a. *Trichuris*; b. *Oesophagostomum*; c. *Strongyloides* in this study and related species (data download from NCBI database) based on the ITS2 gene

討論

過去台灣獼猴寄生蟲研究中發現感染的寄生蟲有許多種類為可能人猴共通寄生蟲，(林 1997, 趙 2011; Kim and Bergner Jr 1964; Myers and Kuntz 1964; Kuntz *et al.* 1968)。此結果與其他國家針對不同靈長類物種，如日本獼猴、恆河獼猴、東非狒狒 (*Papio anubis*) 及黑長尾猴 (*Cercopithecus aethiops*)，所進行之研究相符(Remfry 1978; Itoh *et al.* 1988; Legesse and Erko 2004)。然而，因過去針對寄生蟲之鑑定端賴其型態學，因此，多數研究僅分類至屬的階層。由於不同寄生蟲物種之間的流行病學與生態特性有異，錯誤鑑定會造成進一步的流行病學研究結果的錯誤，並直接影響病原防疫的工作。本研究利用已被廣泛採用的分子生物學方法來鑑定線蟲物種(McManus and Bowles 1996)，除可避免物種鑑定錯誤之外，亦可提供後續不同宿主物種、族群及地區之間寄生蟲之差異比較，以釐清病原之來源及傳播途徑。本研究發現研究區域內之台灣獼猴具高比例的鞭蟲、桿線蟲及腸結節蟲感染，這些腸道寄生蟲主要係透過水源汙染和糞便、土壤的接觸，在衛生條件落後之國家或地區，亦常為主要造成人類感染及致病的寄生蟲。

鞭蟲寄生在宿主動物的大腸和盲腸中，靈長類動物最常感染之鞭蟲種類為人鞭蟲 (Arizono *et al.* 2012; Ravasi *et al.* 2012)，而此寄生蟲亦為全世界人類寄生蟲感染率最高的線蟲之一，當大量感染時會導致嚴重的腸胃道症狀，如：腹痛、下痢、噁心嘔吐及無食慾等 (Huang *et al.* 2003)。腸結節蟲在非洲北部是影響人類健康的重要寄生蟲，該區域每年至少有百萬人會受到感染(Lieshout *et al.* 2005)，而舊大陸地區之靈長類物種(如獼猴和猩猩)亦常發

現感染腸結節蟲(Huffman and Chapman 2009)。

人體中最常發現的兩種桿線蟲，糞桿線蟲 (*S. stercoralis*) 和福氏桿線蟲廣泛的分布在非洲、巴布新幾內亞、東南亞、拉丁美洲地區，其中針對 *S. stercoralis* 所進行的調查顯示，此腸道寄生蟲在 70 個國家中之感染人數達三千萬人，透過與土壤和感染者的接觸為此寄生蟲的主要傳播方式，感染後通常無嚴重致病性，但感染後未治療通常可持續數十年存在於腸道中，並對病患造成許多腸胃道症狀，對免疫抑制或缺乏的病人，此寄生蟲甚至可造成死亡 (Ericsson *et al.* 2001)。

過去從未有任何針對疾病如何影響台灣獼猴野外族群的研究，然而，於圈養環境中或救傷過程中可發現，大量寄生蟲感染時，常可導致獼猴個體之惡病質及死亡。因此，可以預期疾病對獼猴的族群可能具有顯著的影響。傳染性疾病為野生動物族群量的一項非常重要的影響因子。病原與其他環境因素如氣候、棲地、食物品質及族群密度等因子交互作用而對野生動物族群造成影響，甚至造成物種區域性或全面性的滅絕(Hudson *et al.* 1992; Tompkins and Wilson 1998)。在靈長類動物中亦曾有許多因為疾病爆發而導致族群嚴重衝擊的案例 (Wolfe *et al.* 1998)。然而，要評估病原對於靈長類動物的影響，除了需要確認感染靈長類物種之病原種類外，長期的監控亦是不可或缺的資料。

本研究顯示壽山地區獼猴之腸道線蟲分布不具有顯著的空間分布差異，很可能是因為台灣獼猴族群密度高，個體及猴群間的接觸頻繁，而導致此結果。

壽山地區為高雄市珍貴的自然綠地及遊憩場所，民眾與台灣獼猴接觸頻繁更增加了人畜共通疾病傳播的風險，針對腸道線蟲所進行

之調查結果可作為未來民眾宣導教育及疾病防疫之科學根據，民眾在壽山地區進行遊憩活動時，應對人猴共通疾病有基本的認知，並了解如何進行疾病的預防，以保護自身安全。

結論

本研究對壽山國家自然公園台灣獼猴之腸道線蟲進行調查，並以分子生物學方法確認台灣獼猴所攜帶之線蟲種類；此外，建立壽山地區台灣獼猴之腸道線蟲感染及分布狀況，對台灣獼猴之腸道線蟲所進行的空間分析發現上述腸道線蟲並不具有空間之分佈差異，此現象更增加人猴互通疾病傳播之風險。未來對於獼猴族群的寄生蟲性疾病研究應進行長期監測，以提供針對獼猴族群及民眾之疾病防疫及經營管理之科學資料，並宣導民眾不要與獼猴接觸以避免人猴共通疾病之傳播。

誌謝

本研究部份經費由壽山國家自然公園籌備處支持，謹此致謝。

引用文獻

- 林慧玉。1997。玉山和柴山地區台灣獼猴 (*Macaca cyclopis*) 腸道寄生蟲之比較。國立台灣大學動物學研究所碩士論文，67 頁。
- 陳貞志、裴家騏。2005。台灣獼猴 B 病毒之發生現況及人類暴露後之管理建議。野生動物保育彙報及通訊 9(2):16-23。
- 裴家騏。2008。壽山台灣獼猴群的保育議題。野生動物保育彙報及通訊 12: 12-16。
- 裴家騏、賴玉菁。2014。壽山國家自然公園台灣獼猴族群資源暨人猴關係，壽山國家自然公園籌備處，高雄，142 頁。
- 趙羚雅。2011。福山和柴山地區台灣獼猴 (*Macaca cyclopis*) 之腸道寄生蟲相。屏東科技大學野生動物保育研究所碩士論文，65 頁。
- 蘇秀慧、粘書維。2013。壽山國家自然公園台灣獼猴 (*Macaca cyclopis*) 族群密度及人猴互動。國家公園學報 23: 33-48。
- Arizono, N., M. Yamada, T. Tegoshi, and K. Onishi. 2012. Molecular Identification of *Oesophagostomum* and *Trichuris* Eggs Isolated from Wild Japanese Macaques. The Korean Journal of Parasitology 50: 253-257.
- Cohen, J. I., D. S. Davenport, J. A. Stewart, S. Deitchman, J. K. Hilliard, and L. E. Chapman. 2002. Recommendations for prevention of and therapy for exposure to B virus (Cercopithecine herpesvirus 1). Clinical Infectious Diseases 35: 1191-1203.
- Coleman, M., M. Coleman, A. M. Mabuza, G. Kok, M. Coetzee, and D. N. Durrheim. 2009. Using the SaTScan method to detect local malaria clusters for guiding malaria control programmes. Malar J 8: 10.1186.
- Cox-Singh, J., T. M. E. Davis, K.-S. Lee, S. S. G. Shamsul, A. Matusop, S. Ratnam, H. A. Rahman, D. J. Conway, and B. Singh. 2008. *Plasmodium knowlesi* malaria in humans is widely distributed and potentially life threatening. Clinical Infectious Diseases 46: 165-171.
- Cutillas, C., R. Callejon, M. De Rojas, B. Tewes, J. Ubeda, C. Ariza, and D. Guevara. 2009.

- Trichuris suis* and *Trichuris trichiura* are different nematode species. *Acta Tropica* 111: 299-307.
- Demeler, J., S. Ramünke, S. Wolken, D. Ianiello, L. Rinaldi, J. B. Gahutu, G. Cringoli, G. von Samson-Himmelstjerna, and J. Krücken. 2013. Discrimination of gastrointestinal nematode eggs from crude fecal egg preparations by inhibitor-resistant conventional and real-time PCR. *Plos One* 8: e61285.
- Dowdle, W. R., and M. E. Birmingham. 1997. The Biologic Principles of Poliovirus Eradication. *Journal of Infectious Diseases* 175: S286-S292.
- Ericsson, C. D., R. Steffen, A. A. Siddiqui, and S. L. Berk. 2001. Diagnosis of *Strongyloides stercoralis* infection. *Clinical Infectious Diseases* 33: 1040-1047.
- Higgins, D., J. Thompson, and T. Gibson. 1994. {CLUSTAL W}: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* 22: 4673-4680.
- Huang, N.-C., H.-C. Fang, K.-J. Chou, and H.-M. Chung. 2003. *Trichuris trichiura*: An unusual cause of chronic diarrhoea in a renal transplant patient. *Nephrology Dialysis Transplantation* 18: 2434-2435.
- Hudson, P. J., D. Newborn, and A. P. Dobson. 1992. Regulation and stability of a free-living host-parasite system: *Trichostrongylus tenuis* in red grouse. I. Monitoring and parasite reduction experiments. *Journal of Animal Ecology* 477-486.
- Huet, T., R. Cheynier, A. Meyerhans, G. Roelants, and S. Wain-Hobson. 1990. Genetic organization of a chimpanzee lentivirus related to HIV-1. *Nature* 345: 356-359.
- Huff, J. L., and P. A. Barry. 2003. B-virus (Cercopithecine herpesvirus 1) infection in humans and macaques: potential for zoonotic disease. *Emerging Infectious Diseases* 9: 246-250.
- Huffman, M. A., and C. A. Chapman. 2009. Primate parasite ecology: The dynamics and study of host-parasite relationships. Cambridge University Press Cambridge, UK.
- Itoh, K., Y. Oku, M. Okamoto, M. Ohbayashi, Y. Kitamura, and T. Shibahara. 1988. Helminth parasites of the Japanese monkey, *Macaca fuscata fuscata* in Ehime prefecture, Japan. *Japanese Journal of Veterinary Research* 36: 235-247.
- Kim, C., and J. F. Bergner Jr. 1964. A study of filaria in Taiwan monkeys. *The Korean Journal of Parasitology* 2: 81-86.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16: 111-120.
- Kulldorff, M. 2014. SaTScan™ User Guide for version 9.3, pp. 105.
- Kuntz, R. E., and B. J. Myers. 1969. A checklist of parasites and commensals reported for the Taiwan macaque (*Macaca cyclopis* Swinhoe, 1862). *Primates* 10: 71-80.

- Kuntz, R. E., B. J. Myers, J. F. Bergner Jr, and D. E. Armstrong. 1968. Parasites and commensals of the Taiwan macaque (*Macaca cyclops* Swinhoe, 1862). *Formosan Science* 22: 120-136.
- Lau, L.-I., F.-L. Lee, W.-M. Hsu, S. Pampiglione, M. L. Fioravanti, and T. C. Orihel. 2002. Human subconjunctival infection of *Macacanema formosana*: The first case of human infection reported worldwide. *Archives of Ophthalmology* 120: 643-646.
- Legesse, M. and B. Erko. 2004. Zoonotic intestinal parasites in *Papio anubis* (baboon) and *Cercopithecus aethiops* (vervet) from four localities in Ethiopia. *Acta Tropica* 90: 231-236.
- Lieshout, L., J. M. Gruijter, M. Adu- Nsiah, M. Haizel, J. J. Verweij, E. A. Brienen, R. B. Gasser, and A. Polderman. 2005. *Oesophagostomum bifurcum* in non- human primates is not a potential reservoir for human infection in Ghana. *Tropical Medicine & International Health* 10: 1315-1320.
- McManus, D. P., and J. Bowles. 1996. Molecular genetic approaches to parasite identification: Their value in diagnostic parasitology and systematics. *International Journal for Parasitology* 26: 687-704.
- Morell, V. 1995. Chimpanzee outbreak heats up search for Ebola origin. *Science* 268: 974-975.
- Myers, B. J., and R. E. Kuntz. 1964. Nematode parasites from mammals taken on Taiwan (Formosa) and its offshore islands. *Canadian Journal of Zoology* 42: 863-868.
- Ravasi, D. F., M. J. O’Riain, F. Davids, and N. Illing. 2012. Phylogenetic evidence that two distinct *Trichuris* genotypes infect both humans and non-human primates. *Plos One* 7: e44187.
- Remfry, J. 1978. The incidence, pathogenesis and treatment of helminth infections in rhesus monkeys (*Macaca mulatta*). *Laboratory animals* 12: 213-218.
- Renquist, D. M., and R. A. Whitney Jr. 1987. Zoonoses acquired from pet primates. *The Veterinary clinics of North America. Small Animal Practice* 17: 219-240.
- Roepstorff, A., and P. Nansen. 1998. Epidemiology, diagnosis and control of helminth parasites of swine. Food and Agriculture Organization (FAO), Rome.
- Tamura, K., J. Dudley, M. Nei, and S. Kumar. 2007. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24: 1596-1599.
- Tompkins, D. M., and K. Wilson. 1998. Wildlife disease ecology: From theory to policy. *Trends in Ecology & Evolution* 13: 476-478.
- Wallis, J., and D. R. Lee. 1999. Primate conservation: the prevention of disease transmission. *International Journal of Primatology* 20: 803-826.
- Weigler, B. J. 1992. Biology of B virus in macaque and human hosts: A review. *Clinical Infectious Diseases* 14: 555-567.
- Wilson, M. E. 1995. Travel and the emergence of infectious diseases. *Emerging infectious*

diseases 1: 39-46.

Wolfe, N. D., A. A. Escalante, W. B. Karesh, A. Kilbourn, A. Spielman, and A. A. Lal. 1998. Wild primate populations in emerging infectious disease research: The missing link? *Emerging Infectious Diseases* 4: 149-158.