

候鳥攜入外來微生物之監測

陳燕萍*¹、鄭明珠¹、費昌勇²、李敏旭¹、郭舒亭¹、陳麗璇¹、劉玉彬¹、李淑慧¹

¹行政院農業委員會家畜衛生試驗所

²國立台灣大學獸醫學系

摘要

本計畫為調查候鳥攜帶微生物的種類，及其對國內產業的影響進行評估。檢體樣本主要來自候鳥季期間採集自台北、宜蘭、台南、彰化、嘉義及金門之野鴨、鸕鶿科鳥類、鷗的排遺及少數拾獲生病或死亡個體，及行政院農委會特有生物保育中心分讓之 32 件樣本。在病毒分離方面，計 1,820 個候鳥排遺樣本，分離出 4 株副黏液病毒(PMV)與 16 株禽流感病毒(AIV)，其中一株副黏液病毒為 PMV1，也就是新城病病毒(NDV)，AI 病毒亞型包括 H1N1、H2N7、H3N8、H4N6、H7N3、H10N8 等 6 種，所有病毒經鑑定皆為低病原性。在細菌方面，計有 3 批檢體檢測出 C 型肉毒桿菌毒素與其毒素基因。在寄生蟲方面，經檢查鑑定有球蟲(coccidia)一種、線蟲(nematode)二種、鉤頭蟲(thorny-headed worm)一種共三大類、四屬，這些寄生蟲種類在本地留鳥體內也都存在，因此無法推測其來源。綜合結果，本次之樣本並未於候鳥中發現對台灣家禽產業較會產生影響之病原，但以禽流感之流行病學言之，夏候鳥攜帶病原風險最大，仍不能排除明年候鳥攜帶高病原性病毒的危險，因此候鳥之帶毒監測有必要持續進行，以維護本國家禽產業之永續經營。

關鍵詞：候鳥、監測、微生物

緒言

台灣每年均有數千萬隻候鳥陸續自南方(夏候鳥)或北方(冬候鳥)來到台灣。所謂夏候鳥是繁殖地點在泰國等中南半島國家，每年春天會由經廣東、福建沿岸往北抵臺灣，秋季再返回來源地區過冬，如燕、杜鵑、八色鳥、董雞等。而冬候鳥約 70 種，其繁殖地主要在西伯利亞、阿拉斯加及中國華北、東北。秋季自北方飛至台灣過冬，翌年春天飛回原棲息地繁殖，這類鳥有鷺科、雁鴨、鸕鶿、鶺鴒、鶺鴒及鶺鴒等，彼等自北方南下遷徙至臺灣的路線共有二條：一、太平洋路線：經由堪察加半島、千島群島或庫頁島經日本、琉球至臺灣；這類鳥有一般之岸鳥、涉禽、其他水鳥、以及部份陸鳥如小椋

鳥、藍磯鶯、赤翡翠、燕、伯勞、鶺鴒、鶺鴒及灰面鷺鶯等。二、中國沿岸路線：係由西伯利亞經中國東北飛越渤海；或自東北抵達韓國再越過黃海；或經韓國飛至日本，再由日本越過東海至中國。其他尚有過境鳥與迷鳥：前者約 95 種，在南遷或北返之遷徙旅途中，僅在台灣做短期停留者。如鷗科、鷺鶯、伯勞、鸕鶿、雁鴨等。迷鳥約 100 種，是遷徙時迷失方向，意外出現在台灣者[1]。

許多研究指出候鳥的遷徙與許多疾病病原體有關，包括病毒性、細菌性、寄生蟲性疾病等，其中最重要的為病毒性疾病，因遷徙性野生水禽繁殖地通常在寒冷的冰雪地帶，是病毒保毒的場所，也是感染新鳥重要的來源。病毒方面，又以家禽流行性

*抽印本索取作者
行政院農業委員會家畜衛生試驗所

感冒(AI)病毒與新城病(ND)病毒最為重要，AI 曾經於 1970 年代造成海鷗感染 H7N1 群體死亡，學者陸續展開野鳥的流行性感帶毒調查研究，最後獲得的共識是，不同品種的鳥類對流感病毒有不同的感受性，不同亞型株對不同種野鳥也有不同的致病性，水鳥感染流行性感帶毒不會發病，因此是流行性感帶毒重要的帶原者[2,4,9,10,12]。於 2002 年，高病原性家禽流行性感帶毒亦曾於香港造成野鳥與水禽的死亡[18]。Takakuwa 等[19]報告新城病病毒可存在於遷徙性水鳥群中，再傳播至家禽，之後於雞場中經過數代的增殖後，可能會轉變為高病原性之病毒。其他病毒性疾病包括鴨瘟、西尼羅熱與禽痘亦曾被報導與候鳥有關[7,16,20]。細菌性方面，於 1984 年的報告指出，罹患家禽霍亂之遷徙性水鳥因棲息於水邊而污染棲息地[15]。另一報告推測候鳥所感染之 *Campylobacter jejuni* 菌株可能與人感染之菌株相似，二者具有相當大的關係[6]。寄生蟲，包括血液寄生蟲、蟎(mites)、條蟲等亦曾在候鳥發現 [8,13]。本計畫即調查與分析候鳥攜帶微生物的種類，並針對對產業及國人的公共衛生問題的影響進行評估。

材料與方法

監測樣本：監測之樣本由台北市野鳥學會採樣送檢，主要為 2005 年採集自台北、宜蘭、台南、彰化、嘉義及金門之野鴨、鸕鶿科鳥類、鷗的排遺及少數拾獲生病或死亡個體。另外，亦向行政院農委會特有生物保育中心分讓候鳥樣本以進行寄生蟲之分離。

病毒分離：病毒係以雞胚胎蛋尿囊腔接種法進行分離[5]。野鳥排遺樣本試管內棉棒取掉後，先經 1,500 rpm 低速離心去除沉渣，上清液以 0.45 μ m 過濾膜過濾後，接種於無特異病原 (SPF) 雞胚 (購自本所動物藥品檢定分所) 之尿囊腔，每個蛋接種 0.2 mL，每個樣本接種 2 個胚胎蛋。於 35 $^{\circ}$ C 培養 48 小時後，先檢測其尿囊液是否具血球凝集性 (HA)。HA 陽性者之部份尿囊液以電子顯微鏡負染色法觀察是否有正黏液病毒或副黏液病毒

顆粒，其餘尿囊液保存及預備進行亞型鑑定用。無血球凝集性之尿囊液再盲目繼代，最多接種 2 代以分離病毒。

病毒鑑定及亞型分析：由雞胚胎蛋抽出之尿囊液經核酸萃取後，以 PCR 或 RT-PCR 的方法進行病毒種類之診斷。雞胚胎蛋尿囊液同時進行電子顯微鏡鏡檢。

家禽流行性感帶毒 HA 及 NA 亞型分析方法係參考世界衛生組織編撰之流行性感帶毒實驗室操作手冊所述[5]。HA 亞型鑑定方法以血球凝集抑制試驗 (hemagglutination inhibition test, HI) 進行之，而 NA 亞型鑑定方法則以神經胺酶抑制試驗 (neuraminidase inhibition test, NI) 進行之。H 及 N 亞型標準血清分讓自日本北海道大學 Dr. H. Kida 及美國田納西州 St. Jude 兒童研究醫院 Dr. R. G. Webster。

分離出之 AI 病毒株需進行毒力鑑定，毒力鑑定之方法係依照世界動物衛生組織規定之方法進行[5]。試驗方法分述如下：一、雞隻靜脈接種法：將需鑑定毒力之毒株增殖後之新鮮尿囊液稀釋 10 倍，以靜脈接種法接種於 6 週齡健康雞隻，每隻雞接種 0.1 mL，每株病毒接種 8 隻雞。記錄接種後 10 日內雞隻發病及死亡隻數。二、HA 蛋白水解切割位氨基酸分析：HA 段引子序列參考 Wood 等 [21]報告所設，以自動定序儀讀取核苷酸序列。利用核苷酸序列轉譯方法讀取 HA 蛋白水解切割位之氨基酸序列，並由 DNASTAR 分析軟體比較 GenBank 中其他強毒株之 HA 序列。

細菌分離與鑑定：對病、死候鳥檢體進行臟器之細菌分離，以血液培養基進行細菌之分離與純化，再以細菌鑑定套組進行菌株之鑑定。由於棲息於水岸邊之候鳥易發生肉毒桿菌中毒，因此若為肉毒桿菌中毒之懷疑病例，則以小白鼠接種試驗與 PCR 方法進行確診。小白鼠接種試驗方法為將病死禽胃內容液及臟器乳劑經 3,000 rpm 離心及 0.2 μ m 無菌過濾，再以明膠磷酸緩衝液稀釋進行小鼠腹腔接種，每隻小鼠接種 0.5 ml 檢測毒性，每個檢體接種 2 隻小鼠，接種後觀察 72 小時，上述試驗結果具

毒性之病材進行 10 倍連續稀釋，以檢測對小鼠最小致死劑量，以此最小致死劑量加入等體積之肉毒桿菌 C1、C2 及 D 型抗毒素血清，充分混合後於室溫感作 30 分鐘後，取 0.5 mL 腹腔接種小鼠，接種後 72 小時內觀察小鼠有無呼吸困難及死亡。PCR 方法中所用之引子為 CI (5' - GCGGCACAAGAAGGATTTG-3') 與 CII (5' - CGCCGTAACCGGAGTATAT-3')，PCR 反應液總體積為 50 μ L，包括檢體核酸模板 5 μ L，dNTPs 1 μ L(2.5mM)，10X buffer 5 μ L，1 μ L Taq polymerase (1U/ μ L)，上述引子各 1 μ L 及 36 μ L 滅菌之二次蒸餾水。PCR 反應之條件如下：94 $^{\circ}$ C 加熱 3 分鐘後再進行 35 個循環之 94 $^{\circ}$ C 50 秒，50 $^{\circ}$ C 50 秒及 72 $^{\circ}$ C 50 秒，最後進行 72 $^{\circ}$ C 7 分鐘。取 10 μ L 之 PCR 產物以 2% 瓊膠進行電泳分離，經 EtBr 染色後於 UV 燈下觀察產物片段大小，預期之產物大小為 614bp。

寄生蟲之鑑定：候鳥寄生蟲鑑定部分委託台灣大學獸醫學系費昌勇老師進行。蟲體收集步驟包括：以生理鹽水沖洗腸道後置於解剖顯微鏡下檢查；消化道內容物置小孔目(<1 mm)沖水檢查；以解剖針挑出蟲體；原蟲直接以蓋玻片抹片置顯微鏡下觀察；其他寄生蟲按照下列步驟操作。

蟲體之清洗固定保存法：將蟲體置入生理鹽水洗淨黏液；小型蟲體用 alcohol-formol-acetic (AFA) 固定數小時，大型蟲體用 acetic alcohol (AA) 隔夜固定；移至蟲體保存液保存；置顯微鏡下觀察。AFA 蟲體固定液配方為取 85 mL 之 85% alcohol 加上 10 mL formalin (straight) 以及 5 mL acetic acid, glacial；AA 蟲體固定液配方為將 95% alcohol 與 acetic acid, glacial 以 3:1 之比例混合而成。蟲體透明液(phenol-alcohol solution)為以 80 mL phenol 加上 20 mL alcohol, absolute 配製而成。

結果

病毒分離與鑑定：完成監測計 1,820 個候鳥排遺樣本，監測得 4 株副黏液病毒與 16 株禽流感病毒

(表 1、表 2)。其中一株副黏液病毒為第一型，也就是 NDV，AI 病毒亞型包括 H1N1、H2N7、H3N8、H4N6、H7N3、H10N8 等六種，其中有 2 株病毒為 H2N7，2 株病毒為 H3N8，4 株病毒為 H4N6，2 株病毒為 H7N3，5 株病毒為 H10N8。監測之樣本主要為野鴨、鸕鶿科鳥類、鷗的排遺及少數拾獲生病或死亡個體，1 月至 2 月以鴨科鳥類為主，3 月至 7 月以鸕鶿科鳥類為主，八月以鸕鶿科及鷗科鳥類為主，9 月開始除了鸕鶿科之外，鴨科鳥類的數量又逐月增加了。監測分離出的 ND 與 AI 病毒主要來自鴨科鳥類，AI 病毒經病原性鑑定皆為弱毒株(IVPI=0.0)。

細菌分離與鑑定：由於候鳥排遺檢體易遭環境中細菌污染，故僅將病、死鳥之檢體進行細菌分離與鑑定。所收集之檢體共有 5 批，包括黑面番鴨、雁鴨、埃及聖環、與 2 批小水鴨檢體，於埃及聖環與二批小水鴨檢體檢測出 C 型肉毒桿菌毒素與其毒素基因，其餘均無特殊發現。

寄生蟲之分離與鑑定：檢體主要為消化道樣本，分讓自行行政院農委會特有生物保育中心，消化道寄生蟲分離結果如表 3，經鑑定後有球蟲一種、線蟲二種、鉤頭蟲一種共三大類、四屬(圖 1)。原蟲方面在腸道寄生者有 *Isospora* 球蟲。線蟲方面在腸有 *Porrocaecum* sp.、*Strongyloides* sp.，以及甚多相同鳥種均有 *Capillaria* sp. 寄生。鉤頭蟲方面在腸有 *Echinorhynchus* spp.。

討論

依據往年的監測統計，候鳥帶毒的高峰為遷徙初期，往年為 9 月最高峰而後逐月下降。但是近幾年來，氣溫變高，暖冬的效應使候鳥遷徙的季節往後延並提前結束，由 2003-2004 年的監測數據發現病毒分離的最高峰已延至 11 月份，而 2005 年冬季氣候濕冷，在 11 月及 12 月份的病毒檢出量出明顯多於去年，所以候鳥帶毒的情形與氣候應該是有明顯的關係。雖然野鴨是已知最多亞型的帶毒者[3,11,14]，但是依據 Kawaoka 等[21]的研究發現鸕鶿科和鷗科鳥類帶毒的基因群與野鴨不

同，所以從前二年起我們就逐漸增加鷓鴣科鳥種的監測量，並且在夏季鷓鴣科鳥類在離島繁殖季時期安排進行鷓鴣科鳥類之採樣監測，但仍無法由鷓鴣科鳥類檢出 AI 病毒，表示鷓鴣科鳥類遷徙來台的夏季期間帶毒的機率顯然非常低，因此由流行病學推論該種鳥類對於台灣的 AI 候鳥傳播上並不重要。

三月時於關渡自然公園的監測樣本測得二株 H7N3 AI 病毒，為分離自鴨科鳥類，這兩株病毒經鑑定結果對雞隻皆為低病原性，且於關渡自然公園附近並無養禽場。副黏液病毒共分 9 型，為 APMV1 ~ APMV9，除 NDV 之 APMV1 對家禽具有較高之病原性，其餘型別對家禽幾無病原性，樣本中共分離出 4 株副黏液病毒，其中一株為由關渡自然公園之鴨科鳥類分離出之 NDV，經病原性鑑定亦為低病原性毒株，對產業之影響甚低。

細菌方面，由於候鳥排遺檢體易遭環境中細菌污染，故僅將病、死鳥之檢體設為細菌分離之對象。收集之 5 批檢體中，於埃及聖環與二批小水鴨檢體檢測出 C 型肉毒桿菌毒素與其毒素基因。鳥類好發之肉毒桿菌中毒型別為 C 型、D 型與 E 型 [17]，根據經驗，在台灣之候鳥經常於秋冬季發生肉毒桿菌中毒之案例，且發生之型別主要為 C 型肉毒中毒。

寄生蟲方面，檢體來源分讓自特有生物保育中心，經鑑定後有球蟲一種、線蟲二種、鉤頭蟲一種共三大類、四屬。本次發現的寄生蟲種類在本地留鳥體內也都存在，這些寄生蟲是否可在候鳥與本地留鳥之間互相傳播？是值得探討的問題。本次為台灣第一次所作之廣泛性調查，所得之第一手資料豐碩，意義深遠。

綜合以上之結果，並未於候鳥中發現對台灣產業較會產生影響之病原，然目前高病原性家禽流行性感冒疫情於東南亞各國仍未有減緩之趨勢，而台灣為候鳥北往遷徙路徑之驛站，因此就禽流感之流行病學言之，仍不能排除候鳥攜帶高病原性病毒的危險，因此候鳥之帶毒監測有必要持續進行，以維護國內家禽產業之永續經營。

參考文獻

1. 張萬福。台灣的水鳥。東海大學環境科學研究中心出版。P2, 1973
2. Alfonso CP, Cowen BS, van Campen H. Influenza A viruses isolated from waterfowl in two wildlife management areas of Pennsylvania. *J Wildl Dis* 31: 179-185, 1995
3. Allan WH, Diagnostic procedures-response. *Proc. 1st. Int. Symp. Avian Influenza*, Beltsville, Maryland, USA, 167-171, 1981
4. Austin FJ, Hinshaw VS. The isolation of influenza A viruses and paramyxoviruses from feral ducks in New Zealand. *Aust J Exp Biol Med Sci* 62: 355-360, 1984
5. Aymard-Henry M, Coleman MT, Dowdle WR, Laver WG, Schild GC, Webster RG. *Bull. WHO.* 48, 199-202, 1973
6. Broman T, Waldenstrom J, Dahlgren D, Carlsson I, Eliasson I, Olsen B. Diversities and similarities in PFGE profiles of *Campylobacter jejuni* isolated from migrating birds and humans. *J Appl Microbiol* 96(4): 834-843, 2004
7. Converse KA, Kidd GA. Duck plague epizootics in the United States, 1967-1995. *J Wildl Dis* 37(2): 347-357, 2001
8. Haukos DA, Neaville J. Spatial and temporal changes in prevalence of a cloacal cestode in wintering waterfowl along the Gulf Coast of Texas. *J Wildl Dis* 39(1): 152-160, 2003
9. Hinshaw VS. The nature of avian influenza in migratory waterfowl, including interspecies transmission. In *Proceedings of the Second International Symposium on Avian Influenza*. United States Animal Health Association, Athens, GA: 133-141, 1987
10. Hinshaw VS, Webster RD, Turner B. The perpetuation of orthomyxoviruses and paramyxoviruses in Canadian waterfowl. *Can J*

- Microbiol 26: 622-629, 1980
11. Hofstad MS, Barnes HJ, Calnek BW, Reid WM, Yoder HW. Avian influenza. In: Saif YM ed. Diseases of Poultry 8th ed. Iowa State University Press, Iowa, 482-495, 1984
 12. Karunakaran D, Hinshaw V, Poss P, Newman J, Halvorson D. Influenza A outbreaks in Minnesota turkeys due to subtype H10N7 and possible transmission by waterfowl. Avian Dis 27: 357-366, 1983
 13. Mazyad SA, Morsy TA, Fekry AA, Farrag AM. Mites infesting two migratory birds, *Coturnix c. coturnix* (quail or Simmaan) and *Sturnus v. vulgaris* (starling or zarzuur) with reference to avian zoonosis. J Egypt Soc Parasitol 29(3): 745-761, 1999
 14. Otsuki K, Takemoto O, Fujimoto R, Yamazaki K, Kubota N, Hosaki H., Kawaoka Y, Tsubokura M. Isolation of influenza A viruses from migratory waterfowl in San-in District, Western Japan in the winter of 1982-1983. Acta. Virol. 31: 439-42, 1987
 15. Price JJ, Brand CJ. Persistence of *Pasteurella multocida* in Nebraska wetlands under epizootic conditions. J Wildl Dis 20(2): 90-94, 1984
 16. Rappole JH, Hubalek Z. Migratory birds and ewst Nile virus. J Appl Microbiol 94 suppl: 47S-58S, 2003
 17. Smith LD, Sugiyama H. Botulism in birds. In: Botulism: the organism, its toxins, the disease. 2nd ed. Springfield Ill, USA. 147-164, 1988
 18. Sturm-Ramirez KM, Ellis T, Bousfield B, Bissett L, Dyrting K, Rehg JE, Poon L, Guan Y, Peiris M, Webster RG. Reemerging H5N1 influenza viruses in Hong Kong in 2002 are highly pathogenic to ducks. J Virol 78(9): 4892-4901, 2004
 19. Takakuwa H, Ito T, Takada A, Okazaki K, Kida H. Potentially virulent Newcastle disease viruses are maintained in migratory waterfowl populations. Jpn J Vet Res 45(4): 207-215, 1998
 20. Tikasingh ES, Worth CB, Spence L, Aitken TH. Avian pox in birds from Trinidad. J Wildl Dis 18(2): 133-139, 1982
 - Wood GW, McCauley JW, Bashiruddin JB, and Alexander DJ. Deduced amino acid sequences at the haemagglutinin cleavage site of avian influenza A viruses of H5 and H7 subtypes. Arch. Virol. 130, 209-217, 1993

表 1、監測分離出之家禽流行性感冒病毒亞型狀況

編號	亞型	分離動物	地點
1	H2N7	鴨	台北
2	H2N7	鴨	台北
3	H4N6	鴨	台北
4	H10N8	鴨	台北
5	H1N1	鴨	嘉義
6	H4N6	鴨	台北
7	H7N3	鴨	台北
8	H7N3	鴨	台北
9	H10N8	鴨	台北
10	H10N8	鴨	台北
11	H10N8	鴨	台北
12	H10N8	鴨	台北
13	H3N8	白眉鴨	嘉義
14	H4N6	白眉鴨	嘉義
15	H3N8、H4N6	黑腹燕鷗	嘉義

表 2、監測分離出之副黏液病毒型別

編號	型別	分離動物	地點
1	UN*	鴨	台南
2	APMV1 (NDV)	鴨	台北
3	UN	小水鴨	宜蘭
4	UN	鴨	金門

* Unknown serotype, non-APMV1

表 3、野鳥體內之寄生蟲

編號	鳥種	結果
1	野鴿	未見蟲
2	領角鴉	未見蟲
3	大葦鶯	<i>Capillaria</i> sp.
4	茅斑蝗鶯	未見蟲
5	棕面鶯	<i>Capillaria</i> sp.
6	綠繡眼	未見蟲
7	丹氏樺鶻	未見蟲
8	短翅樹鶯	未見蟲
9	小鸞嘴	<i>Echinorhynchus</i> spp.
10	褐頭鷓鶯	未見蟲
11	八哥	未見蟲
12	環頸雉	<i>Capillaria</i> sp.
13	灰頭蒼鷹	未見蟲
14	白腹秧雞	未見蟲
15	夜鶯	<i>Porrocaecum</i> sp.
16	大水薙鳥	未見蟲
17	蒼鶯	<i>Porrocaecum</i> sp.
18	黑冠麻鶯	<i>Porrocaecum</i> sp.
19	翠鳥	未見蟲
20	極北柳鶯	未見蟲
21	鳳頭蒼鷹	<i>Porrocaecum</i> sp.
22	白頭翁	未見蟲
23	金斑鴝	未見蟲
24	大冠鶯	<i>Capillaria</i> sp.
25	褐鷹鵝	未見蟲
26	麻雀	<i>Isospora</i> sp.
27	棕扇尾鶯	未見蟲
28	蜂鷹	未見蟲
29	五色鳥	<i>Capillaria</i> sp.
30	翠翼鳩	<i>Strongyloides</i> sp.
31	樹鵲	未見蟲
32	珠頸斑鳩	<i>Porrocaecum</i> sp.

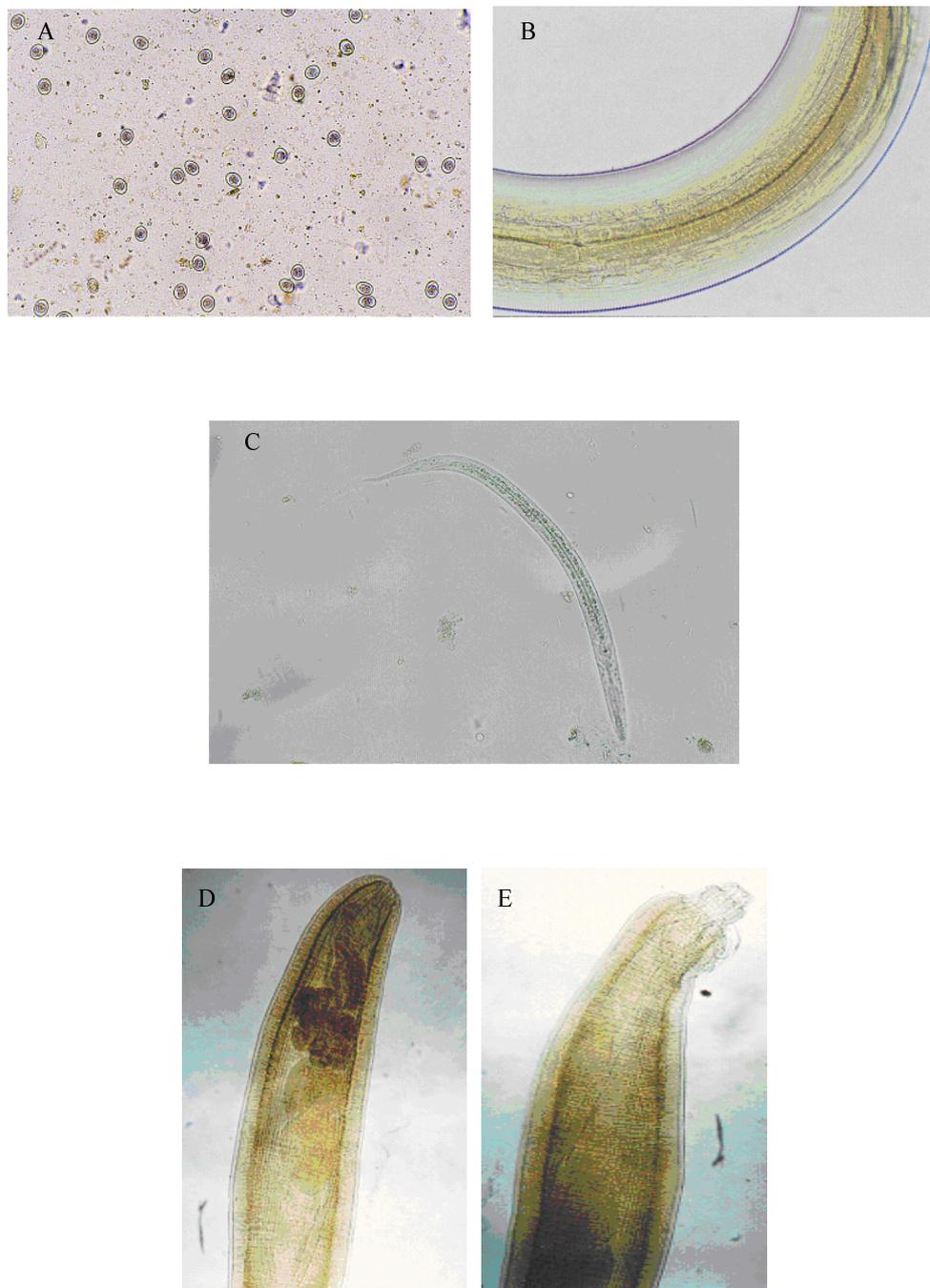


圖 1、由消化道檢體分離之寄生蟲。A：Isospora sp.以高被照片登出；B：Porrocaecum sp.；C：Strongyloides sp.；D：Echinorhynchus sp. (吻未翻出來)；E：Echinorhynchus sp. (吻翻出來)。

Surveillance of microorganisms in migratory birds and evaluation of its influence of poultry industry

Chen YP *¹, Cheng MC ¹, Fei CY ², Lee MS ¹, Kuo ST ¹, Chen LS ¹, Liu YP ¹, Lee SH ¹

¹ Animal Health Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan

² Department of Veterinary Medicine, National Taiwan University

Abstract The purposes of the study were to identify the microorganisms carried by migratory birds and to evaluate the impact of these microorganisms to poultry industry. In virus aspect, a total of 1,820 of fecal samples from wild birds were examined. Fifteen strains of AI viruses were isolated and as H1N1, H2N7, H3N8, H4N6, H7N3, and H10N8 serotypes were identified. Four strains of paramyxovirus and one strain of PMV1 (NDV) were isolated. Fortunately, all of these strains were low or none pathogenic. In bacterial aspect, type C botulism, one of the major causes of death of wild birds in Taiwan, was confirmed in three cases. In parasite aspect, one coccidian, three nematodes (Porrocaecum sp. Strongyloides sp. Capillaria sp.), one thorny-headed worm (Echinorhynchus sp.) were recognized. However, all the parasites found in migration birds exist in domestic birds. It is worthy of exploring that cpuld the parasites be possibly transmited each other? In conclusion, the microorganisms isolated from migratory birds were low or none pathogenic to domestic poultry in Taiwan. In the view of epidemiology of AIV, summer visitors of migratory birds might have higher probability to carry pathogens, so it could not be excluded that the probability of migratory birds carrying high pathogens next year. Therefore, it is necessary to continue the surveillance program for migratory birds.

Key words: Migratory birds, Surveillance, Microorganism