

## 2006 年野鳥家禽流行性感冒監測

鄭明珠\*、李敏旭、陳麗璇、劉玉彬、郭舒亭、李淑慧

行政院農業委員會家畜衛生試驗所

**摘要** 為了早期預警高病原性家禽流行性感冒 H5N1 病毒經由遷徙性水禽帶毒入境及持續性監測禽流感在台灣野鳥的帶毒情形，全年度自台北、台中、彰化、嘉義、台南、高雄、宜蘭、花蓮、澎湖及金門的水鳥棲地主動性監測野鳥排遺檢體及少數死亡鳥體之被動性監測。共計進行 4,541 個採集樣本檢測，分離得 39 株禽流感病毒（分離率 0.86%），包括 H1N3(n=2)、H3N8(n=3)、H4N6(n=17)、H4N7(n=1)、H7N3(n=1)、H9N6(n=1)、H9N9(n=1)、H10N3(n=11)、H10N4(n=2)等 9 個不同亞型的病毒，其中 H9N6 及 H9N9 兩者屬新出現亞型株，是過去台灣野鳥未曾監測到的亞型株。監測之樣本來自鴨科鳥類為最多（n=2360），鵝科鳥類次之（n=1414），再其次為鸚鵡科（n=436）、鷗科（n=160）及其他鳥類（n=171）。39 株病毒中除了 2 株病毒分離自鸚鵡科的排遺檢體（H3N8、H10N3）以外，其餘病毒皆分離自鴨科鳥類的排遺檢體。1 月份在嘉義的鰲鼓溼地鴨科鳥類的排遺中分離到 1 株 H7N3 亞型病毒，經病原性鑑定為弱毒株（IVPI=0.0）。本監測結果發現本年度遷徙來台水禽帶毒仍屬常見的弱毒型家禽流行性感冒病毒，沒有高病原性 H5N1 帶毒鳥禽之發現，顯示當前經由候鳥帶 H5N1 病毒入侵我國的風險仍低。

**關鍵詞：**家禽流行性感冒，病毒監測

### 緒言

家禽流行性感冒（avian influenza, AI）為正黏液病毒（Orthomyxoviridae）感染引起的一種禽類重要傳染病[21]，感染的禽類宿主種類非常廣泛。AI 病毒具有多種不同亞型，已知有亞型 H1~H16，N1~N9，由血球凝集素（haemagglutinin; H）及神經胺酶（neuraminidase; N）兩種不同抗原搭配之多種亞型組合[3]。相同亞型病毒株的毒力不同，對於不同種禽類宿主的感受性也不同。通常只有 H5 和 H7 亞型病毒會引起雞隻及火雞惡性傳染及急速而高度的死亡率[10]，稱之為高病原性家禽流行性感冒（highly pathogenic avian influenza; HPAI）。以往世界動物衛生組織（OIE）將 HPAI 列為 A 表之國際通報性動物傳染病，現在 OIE 已取消 A 表疾病的分類，

將所有 H5 或 H7 亞型禽流感皆列為需通報的動物傳染病[11]。

家禽流行性感冒與野鳥的帶毒關係調查研究起始於 1970 年代[13]，陸續有許多學者開始關注及展開對野鳥的流行性感冒調查研究，最後獲得的共識是：不同品種的鳥類對流行性感冒病毒有不同的感受性；不同亞型株病毒對不同種野鳥也有不同的致病性。水鳥感染流行性感冒大都不會發病，所以是流行性感冒重要的帶原者 [6,8,12,13,17]。一般來說，野鴨是最普遍的帶毒者 [6,13,16]，鵝科鳥類和海鷗所帶的病毒其基因與野鴨的分屬不同群，所以推論在野鳥的 AI 病毒保毒者主要分成三群，即野鴨、鵝科鳥類及海鷗[18]。AI 病毒在水鳥體內增殖部位通常只在腸管，不容易刺激水鳥體內產生抗體，所以病毒在微弱的抗體篩選壓力下不易發生點突

\*抽印本索取作者  
行政院農業委員會家畜衛生試驗所

變而保有穩定的基因群 [5,8]。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，也是感染新鳥的重要來源，因此家禽流行性感冒的發生季節常與候鳥遷徙季有關 [6,14,16]。

1997 年底香港爆發 H5N1 之高病原性家禽流行性感冒，病毒因感染人且造成 18 位感染者中有 6 位死亡。亞洲地區禽流感疫情在 2003 年底逐漸擴大，2004 年中國大陸、日本、韓國及東南亞多國等多個國家皆淪陷為 H5N1 HPAI 的疫區。2005 年在中國大陸青海湖出現約 6,000 隻野禽感染 H5N1 死亡疫情之後，禽流感疫情往候鳥繁殖地西伯利亞一帶，並隨著候鳥遷徙而走向歐洲及非洲，共計有 40 多個國家的家禽或野禽曾發生 H5N1 感染疫情 [22]。

台灣至今仍為 H5N1 高病原性禽流感的非疫區，過去曾於 2003 年 12 月在金門外海查獲走私的紅面番鴨及 2005 年 10 月在台中港查獲走私的籠鳥中檢測到 H5N1 病毒，顯示走私禽鳥可能為台灣帶來高病原性家禽流行性感冒之高風險。為了防範 H5N1 及其他高病原性家禽流行性感冒經由遷徙鳥類帶毒入境，台灣於 1998 年開始持續性地進行野鳥監測，期能早期發現早期預警。本研究之目的除了監測預警之外，同時累積數年持續性的監測結果以作為流行病學分析。

## 材料與方法

**監測樣本：**主動監測樣本由台北市野鳥學會派員至全台各野生水鳥棲息地採樣，採樣地區主要有台北、宜蘭、彰化、嘉義、台南及金門地區溼地及河岸，再因需要增加其他監測地區。每次採樣以每群鳥 20 個排遺樣本數為原則，以棲鳥觀察及排遺大小、型態來辨別鴨科、鵝科、鸕鶿科、鷺科及鷗科等不同種類鳥的排遺，另外進行鳥類繫放，標示腳環或足旗，並採集捕獲鳥的共泄腔拭子，保存於輸送保存液（1% gelatin in phosphate buffer saline, pH 7.2）內。採集之樣本以冰寶低溫保存輸送至實驗室進行禽流感病毒檢測。被動監測則以死亡送檢之野生鳥類進行病毒檢測。

**AI 病毒分離：**AI 病毒係以雞胚胎培養法進行分離 [9]。野鳥排遺樣本試管內棉棒取掉後，先經 1,500 g 低速離心去除沉渣，上清液以 0.45  $\mu$ 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 個蛋。在 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顆粒，其餘尿囊液保存及預備進行亞型鑑定。無血球凝集性之尿囊液再盲目繼代一代。

**AI 病毒鑑定及亞型分析：**H 及 N 亞型分析方法係參考世界衛生組織編撰之流行性感冒實驗室操作手冊所述 [9]。H 亞型鑑定方法以血球凝集抑制試驗（hemagglutination inhibition test, HI）進行之，而 N 亞型鑑定方法則以神經胺酶抑制試驗（neuraminidase inhibition test, NI）進行之，同時以設定之 H 及 N 亞型引子進行反轉錄聚合 鏈反應方法鑑定病毒亞型 [9]。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。

**AI 毒力鑑定：**所分離的 AI 病毒株，其 H 亞型經鑑定為 H5 或 H7 者，則進行病毒毒力鑑定。AI 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 [24]。試驗方法分述如下：

**雞隻靜脈接種法：**將本次分離的嘉義 H7N3 亞型病毒株一株增殖後，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。

**HA 蛋白水解切割位氨基酸分析：**除了雞隻靜脈接種外，分離的嘉義 H7N3 亞型病毒株也同時進行 HA 蛋白水解切割位氨基酸分析。HA 段引子序列參考 Wood 等 [23] 報告所設，以自動定序儀定序核 酸序列。利用核 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。

## 結果

**樣本分析：**全年度共採集 4,541 個樣本檢體，樣本來自台北(n=641 佔總樣本數 14.12%)、台中(n=430 佔 9.47%)、彰化(n=782 佔 17.22%)、嘉義(n=437 佔 9.62%)、台南(n=693 佔 15.26%)、高雄(n=254 佔 5.59%)、宜蘭(n=466 佔 10.26%)、花蓮(n=284 佔 6.25%)、澎湖(n=32 佔 0.70%)及金門(n=522 佔 11.50%) (表 2)，採集的鳥種包括鴨科(n=2,359)、鵝鵝科(n=1,414)、鸛鷺科(n=436)、鷗科(n=160)及其他鳥類(n=171) (表 1)，鴨科佔總樣本數之 52.1%，鵝鵝科佔 31.1%，鸛鷺科佔 9.6%、鷗科佔 3.5% 及其他鳥類佔 3.8%。

**盛行率分析：**全年度共分離 39 株禽流感病毒株，盛行率 0.86%。以候鳥遷徙情形將全年區分為 1-4 月候鳥離境、5-8 月非候鳥季及 9-12 月候鳥入境三個季節區段來進行分析，1-4 月監測陽性盛行率 0.43% 低於全年盛行率，5-8 月盛行率 0.0% 最低，9-12 月盛行率 1.44% 為三季節區段中最高(表 1)。以採樣地區來進行盛行率分析由高至低分別為，高雄地區 3.15%，花蓮 1.76%，台南 1.73%，台北地區 1.09%，宜蘭地區分離率 1.07%，嘉義 0.46%，其他台中、彰化、金門及澎湖的分離率皆為 0.0% (表 2)。以主要採樣鳥種鴨、鵝鵝、鸛鷺、鷗及其他五個鳥種分群來分析其盛行率，全年度採樣監測結果盛行率由高至低分別為，鴨科鳥類盛行率 1.57%、鸛鷺科鳥類 0.46%，鵝鵝科、鷗科及其他鳥類皆為 0.0% (表 1)。總之監測鳥種與監測季節決定盛行率的重要因素，因此，以不同季節來分析鴨科鳥類帶毒的盛行率，可以清楚發現 9-12 月帶毒率最高 2.48%，1-4 月有 0.67% 的帶毒率，而 5-8 月則帶毒率為 0.0% (表 1)。

**亞型分析：**今年度監測分離到的 39 株禽流感病毒株，經 H 及 N 亞型分析結果有 9 個不同亞型的病毒，以 H4N6(n=17)亞型所佔比例最高 (43.6%)，H1ON3(n=11)次之 (28.2%)，其他 H3N8(n=3)、H1ON4(n=2)、H1N3(n=2)、H4N7(n=1)、H7N3(n=1)、H9N6(n=1)及 H9N9(n=1)亞型則分離數較低。各分離株之分離時間、地點、鳥種均列於表 3，除了一株 H3N8 亞型株及一株 H1ON3 亞型株分離自花蓮棲地的鸛鷺科鳥類之外，其餘皆分離自鴨科鳥類。

**病原性分析：**分離株嘉義的 H7N3 亞型病毒株一株，經進行雞隻靜脈接種病原性指數分析結果為 0.0，沒有任何接種的雞隻發病或死亡。該病毒株的血球凝集蛋白切割位胺基酸序列為 PEIPKGR\*GLF，沒有連續鹼性胺基酸排列現象。

## 討論

雖然世界各國努力撲滅 H5N1 禽流感，但是 H5N1 禽流感疫情仍然像星星之火一樣不斷延燒。例如今年 (2007 年) 日本、香港、韓國、印尼、英國、匈牙利等歐亞不同區域國家的不同鳥禽種類仍有疫情發生[19]。我國幸而至今仍為非疫國，除了嚴密監控家禽場的疫情之外，如何阻絕經由禽鳥的移動而讓 H5N1 國際間有潛入的機會，更是防疫的重要一環。經由上述 2006 年野鳥的監測結果，發現仍像往年一樣，遷徙性水禽帶著豐富多樣亞型的禽流感弱毒株往來於台灣，它們對台灣造成疫情傳播的影響與風險微小。

本年度 4,541 個採樣數中，以來源鳥種類分析採樣比例，可細分為鴨科、鵝鵝科及鸛鷺和鷗科鳥類，其中鴨科和鵝鵝科佔台灣遷徙性水禽之大宗，此外鸛鷺科鳥類也是水禽棲地中常見的鳥類。因此，歷年野鳥監測樣本一直都以監測鴨科及鵝鵝科鳥類為主，本年度我們增加了鸛鷺科鳥類的樣本採集，並將鸛鷺鳥類的採樣及監測情形列入分析。由表 1 分析而知鴨科樣本集中於 1~4 月 (n=1045) 及 9~12 月 (n=1210)，鵝鵝科樣本數全年沒有季節月份之

差別(n=405~550)，鸚鵡科鳥類樣本集中於 9~12 月(n=335)，鵝科鳥類較集中於夏季 5~8 月(n=100)，整體採樣樣本數仍集中於 9~12 月及 1~4 月。

以鳥棲地中野鳥排遺情形來反應野鳥帶毒的盛行率，雖然全年度盛行率平均 0.86%，較高於近五年來的平均盛行率[2]。將全年以候鳥遷徙情形區分為 1-4 月候鳥離境季、5-8 月非候鳥季及 9-12 月候鳥入境季三個季節區分分析就不難發現，9-12 月候鳥入境季的禽流感帶毒盛行率明顯高於其他二季節，5-8 月非候鳥季的盛行率為 0.0%，除了這個季節能夠採集的樣本數明顯減少之外，本季節採集的樣本亦未曾分離到禽流感病毒，明確顯示候鳥帶毒的高危險季節集中於 9-12 月。若以台灣不同區域：北部（台北）1.09%，中部（台中及彰化），南部（嘉義、台南、高雄），東部（宜蘭、花蓮）及離島（金門、澎湖）的採樣地區來進行盛行率分析發現以北部、南部及東部的盛行率較高，中部及離島的盛行率皆為零，分析發現中部地區鵝科鳥類棲息多，因之樣本採集集中在鵝科鳥類，與其他地區有明顯的不同。而澎湖因離島特殊地形，有豐富的鵝鳥棲息，該地區樣本鳥類亦不同於台灣本島。只有金門除了地域的差別之外，採集的樣本鳥類雷同於台灣北、南、東部的的主要鳥群（鴨科鳥類）。因此，由採樣地的分析可證實，地域別不是台灣的野鳥禽流感帶毒盛行率差異的主因，差異主因在採樣鳥種別上（由表 1 鳥種別的盛行率分析可發現），但是金門與台灣之間的地域別卻明顯影響兩地之間野鳥禽流感帶毒率，過去我們曾推論此現象可能是金門候鳥的遷徙路徑不同於台灣的緣故。將盛行率以採樣鳥種來區分分析，鴨科鳥類的帶毒盛行率（1.57%）明顯高於其他鳥類，鸚鵡科鳥類的樣本數明顯少於鴨及鵝科鳥類，因此帶毒率可能會有較大的變異。持續數年監測數的分析可確認季節及鳥種別是台灣野鳥帶毒的最主要兩大因素，鴨科鳥類候鳥入境期為台灣野鳥帶毒率之最高峰時期。

本年度監測分離到的 39 株禽流感病毒株中 H9N9 及 H9N6 為過去未曾分離到的新亞型株，使

歷年來我們監測的不同亞型株累計達 29 種，顯示台灣野鳥帶毒亞型的多樣性。亞型中 H4N6 仍居排行榜之冠，此外其他常見的亞型仍為 H10N3 及 H3N8 等，這些毒株在野鳥呈穩定的弱毒狀態，對台灣家禽沒有即發的毒力變異之危險。

## 致謝

本監測計畫（編號 95 農科-13.2.4-衛-HA）承蒙台北市野鳥學會協助野鳥樣本採集工作，特此申謝。

## 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，1973。
2. 鄭明珠、李敏旭、陳麗璇、劉玉彬、郭舒亭、李淑慧。2005 年台灣家禽流行性感官監測。家畜衛試所研報 41: 1-10，2006。
3. Alexander DJ. A review of influenza in different bird species. Vet Microbiol 74: 3-13. 2000.
4. Alexander DJ. Ecological aspects of influenza viruses in animal and their relationship to influenza: A review. J R Soc Med 75: 799-811. 1982.
5. Alexander DJ. Isolation of influenza A viruses from birds in Great Britain during 1980 and 1981. Vet Rec 111: 319-21. 1982.
6. Alfonso CP, Cowen BS, van Campen H. Influenza A viruses isolated from waterfowl in two wildlife management areas of Pennsylvania. J Wildl Dis 31: 179-85. 1995.
7. Allan WH. Diagnostic procedures-response. Proc. 1<sup>st</sup>. Int. Symp. Avian Influenza, Beltsville, Maryland, USA, 167-171. 1981.
8. 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: 355-60. 1984.

9. Aymard-Henry M, Coleman MT, Dowdle WR, Laver WG, Schild GC and Webster RG. Bull WHO 48: 199-202. 1973.
10. Bosh FX, Orlich M, Klenk, HD and Rott R. The structure of the hemagglutinin, a determinant for the pathogenicity of influenza viruses. Virology 95: 197-207. 1979.
11. Esterday BC. Influenza. In Diseases of Poultry (9<sup>th</sup> ed.), Ames, Iowa State University Press, 532-551. 1991.
12. Hinshaw VS. The nature of avian influenza in migratory waterfowl, including interspecies transmission. Proc. 2<sup>nd</sup>. Int. Symp. Avian Influenza, Athens, GA, USA, 133-141. 1987.
13. Hinshaw VS, Webster RD and Turner B. The perpetuation of orthomyxoviruses and paramyxoviruses in Canadian waterfowl. Can J Microbiol 26: 622-629. 1980.
14. Hinshaw VS, Wood JM, Webster RG, Deibel R and Turner B. Circulation of influenza viruses and paramyxoviruses in waterfowl originating from two different areas of North America. Bull, WHO 63: 711-791. 1985.
15. Hofstad MS, Barnes HJ, Calnek BW, Reid WM, Yoder HW. Avian influenza, 8<sup>th</sup> ed. Dis Poult 482-495. 1984.
16. Ito T, Okazaki K, Kawaoka Y, Takada A, Webster RG, Kida H. Perpetuation of influenza A viruses in Alaskan waterfowl reservoirs. Arch Virol 140: 1163-72. 1995.
17. 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: 357-66. 1983.
18. Kawaoka Y, Chambers TM, Sladen WL, Webster RG. Is the gene pool of influenza viruses in shorebirds and gulls different from that in wild ducks? Virology 163: 247-250. 1988.
19. OIE: Update on avian influenza animals (Type H5), in OIE website (<http://www.oie.int/download/AVIAN%20INFLUENZA>)
20. 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.
21. Webster RG, Bean WJ, Gorman OT, Chambers TM, Kawaoka Y. Evolution and ecology of influenza A viruses. Microbiol Rev 56: 152-178. 1992.
22. WHO, H5N1 avian influenza: Timeline of major events. WHO website ([http://www.who.int/csr/disease/avian\\_influenza/ai\\_timeline](http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/ai_timeline))
23. 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.
24. World Organization for Animal Health (OIE). Chapter 2.7.12 Avian influenza. In: Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals, 5th ed. OIE, Paris, France. 2004.

表 1. 2006 年台灣野鳥監測季節月份與鳥種類別盛行率分析

月份	鴨	鵲	鷺鷥	鷗	其他	合計
1~4	7/1,045* (0.67% )	0/459	0/97	0/20	0/14	7/1,635 (0.43% )
5~8	0/104	0/405	0/4	0/100	0/74	0/687
9~12	30/1,210 (2.48% )	0/550	2/335 (0.60% )	0/40	0/84	32/2,219 (1.44% )
合計	37/2,359 (1.57% )	0/1414	2/436 (0.46% )	0/160	0/172	39/4,541 (0.86% )

\* 分離數/樣本數(陽性率%)

表 2. 2006 年各監測樣點與採樣鳥種數目

	鴨	鵲	鷺鷥	鷗	其他	總數	AIV 分離數*	分離率%
宜蘭	422	11	33	0	0	466	5	1.07
台北	564	20	2	0	55	641	7	1.09
台中	40	370	20	0	0	430	0	0.00
彰化	0	731	0	49	2	782	0	0.00
嘉義	259	63	115	0	0	437	2	0.46
台南	508	46	125	1	13	693	12	1.73
高雄	40	91	45	78	0	254	8	3.15
金門	373	50	0	0	99	522	0	0.00
花蓮	154	32	96	0	2	284	5	1.76
澎湖	0	0	0	32	0	32	0	0.00

\* 分離株中除了花蓮有 2 株分離自鷺鷥鳥類之外，其餘 AIV 皆分離自鴨。

表 3. 2006 年 1~3 月與 9~12 月野鳥禽流感病毒分離情形比較

2006 年	分離數	分離地 (病毒數)	亞型 (病毒數)	鳥種
1~3 月	7	台北 (2)	H1N3 (1)	鴨
			H4N6 (1)	鴨
		嘉義 (2)	H4N6 (1)	鴨
			H7N3 (1)	
		台南 (2)	H10N4 (2)	鴨
9-12 月	32	宜蘭 (1)	H4N6 (1)	鴨
		台南 (10)	H4N6 (6)	鴨
			H1N3 (4)	
		台北 (5)	H1N3 (1)	鴨
			H4N6 (1)	鴨
			H9N6 (1)	鴨
			H9N9 (1)	鴨
			H10N3 (1)	鴨
		花蓮 (5)	H4N6 (3)	鴨
			H3N8 (1)	鷺鷥
			H10N3 (1)	鷺鷥
		宜蘭 (4)	H3N8 (2)	鴨
			H4N6 (1)	鴨
			H4N7 (1)	鴨
		高雄 (8)	H10N3 (5)	鴨
			H4N6 (3)	鴨

## Surveillance of Avian Influenza Viruses in Wild Birds in Taiwan 2006

M. C. Cheng \*, M. S. Lee, L. H. Chen, Y. P. Liu, S. T. Kuo, S. H. Lee

Animal Health Research Institute, Council of Agriculture,  
Executive Yuan, Tansui, Taiwan, ROC

**Abstract** The purpose of this surveillance was to make an early warning of highly pathogenic H5N1 and to realize the epidemiology of avian influenza in Taiwan's wild birds. In 2006, a total of 4,541 specimens collected from wild birds of Taipei, Taichung, Chunghua, Chayi, Tainan, Koushong, Yielan, Hwalien, Penhu, and Kingmen were examined for avian influenza viruses. Thirty-nine viruses were isolated (0.86% isolated rate) and subtyped as H1N3 (n = 2), H3N8 (n = 3), H4N6 (n = 17), H4N7 (n = 1), H7N3 (n = 1), H9N6 (n = 1), H9N9 (n = 1), H10N3 (n = 11) and H10N4 (n = 2). Most of these viruses were isolated from duck fecal specimens; but two viruses, H3N8 and H10N3, were isolated from that of egrets. One low pathogenic strain (IVPI 0.0) of H7N3 virus was isolated from wild ducks in Chayi of Taiwan. In conclusion, H5N1 was not isolated in this study. This indicated that the spread of this virus into Taiwan through the migratory birds was not occurred in this period.

**Key words:** *Avian influenza, Virologic surveillance*

---

\*Corresponding Author  
Animal Health Research Institute