主持人：宋希强，任明迅　Open Access

濒危物种的疾病预防实践
——以海南长臂猿为例的环境管控方案

吕观新[1,2,3#]，毕　玉[1,2,3]，禹丝思[1,2,3]，金　崑[1,2,3*]

（1. 海南国家公园研究院/海南国家公园保护与发展重点实验室 海南 海口 570203 中国；2. 中国林业科学研究院 森林生态环境与自然保护研究所，北京 100091 中国；3. 生物多样性保护国家林业和草原局重点实验室，北京 100091 中国）

摘　要：海南长臂猿（*Nomascus hainanus*）是中国特有物种，也是世界上最濒危的灵长类动物之一，目前仅分布于海南热带雨林国家公园霸王岭片区，现存 7 个家庭群、42 只个体。由于种群数量极少且遗传多样性较低，该物种应对病原暴露和疾病冲击的能力可能受到限制。疾病暴发一旦发生，可能对种群存续造成严重影响。鉴于疾病预防在极小种群保护中的重要性，文章围绕海南长臂猿潜在疾病风险，梳理病毒性疾病、细菌性疾病、寄生虫病及其他机会性感染等主要风险类型，分析栖息地破碎化、环境污染、气候变化和人类活动对病原传播风险的影响途径。在此基础上，提出人员进入管理、生物安全防护、栖息地环境与病原监测、同域野生动物疫源疫病监测、生境质量提升和生态廊道建设等环境管控措施。海南长臂猿疾病防控应在“全健康（one health）”框架下开展，将野生动物健康、栖息地管理、人员活动管控和社区参与相结合，服务于日常监测、风险预警和应急处置，为极小种群濒危灵长类动物的疾病预防提供科学依据。

关键词：海南长臂猿；海南热带雨林国家公园；疾病预防；病原传播；环境管控；全健康

中图分类号：S858;Q95　**文献标志码：**A　**文章编号：**1674 − 7054(2026)05 − 0852 − 11

吕观新, 毕玉, 禹丝思, 等. 濒危物种的疾病预防实践——以海南长臂猿为例的环境管控方案[J]. 热带生物学报 (中英文), 2026, 17(5): 852−862.　DOI: 10.15886/j.cnki.rdswxb.20250152　CSTR: 32425.14.j.cnki.rdswxb.20250152

海南长臂猿（*Nomascus hainanus*）是中国特有物种，曾广泛分布于海南岛，因栖息地大面积丧失，致其种群数量骤减，现为全球最濒危的灵长类动物之一，仅分布于海南热带雨林国家公园霸王岭片区，截至 2024 年，现存种群数量为 42 只[1]。已有研究表明，海南长臂猿遗传多样性极低，并存在近交风险[2−3]；遗传变异水平下降可能削弱其对环境变化和病原侵袭的适应能力。与此同时，该物种对成熟热带雨林生境依赖性强，对人类活动干扰较为敏感[4−5]，这些因素共同增加了种群健康管理的复杂性。

传染病不仅对全球公共卫生构成严峻挑战，也是影响野生动物种群存续和生物多样性保护的重要因素[6]。对于种群数量极小、分布范围高度受限的海南长臂猿而言，任何传染病的发生均可能造成严重种群损失，甚至导致种群灭绝[7]。近年来，栖息地破碎化和人类活动扩张增加了野生动物与人类、家畜家禽及同域野生动物的接触机会，提高了人兽共患病溢出和反向溢出的风险[8−9]。因此，将疾病风险识别、监测与干预纳入濒危物种保护体系，已成为保护生物学和自然保护地管理的重要内容[10]。

在多种疾病的预防策略中，环境管控具有基础性作用。通过降低病原体在环境中的存活机会、阻断传播途径并减少宿主暴露，可在疾病发生前实现风险前移和源头干预[11]。有效的环境管控通常包括生境修复、人类活动管理、生物安全规范、环境病原监测和应急处置等内容，是提升种群

CC BY 4.0
收稿日期：2025−10−27　**修回日期：**2026−03−09

基金项目：海南国家公园研究院课题（KY-2000102-KT）

#**第一作者：**吕观新（1997—），女，助理研究员。研究方向：野生动物种群健康与疾病防控。E-mail: lgxarron@foxmail.com

*通信作者：金崑（1969—），男，研究员，博士生导师。研究方向：野生动植物保护与利用。E-mail: jk2002@caf.ac.cn

“生态免疫”能力的重要支撑[5, 12]。本文围绕海南长臂猿疾病预防需求，系统梳理潜在疾病风险及其环境驱动因素，并提出相应的环境管控方案，旨在为海南长臂猿保护管理提供科学依据，也为其他极小濒危野生动物种群的疾病预防提供参考。

1　海南长臂猿的潜在疾病风险来源

海南长臂猿是国家一级重点保护野生动物，同时，被世界自然保护联盟(international union for conservation of nature, IUCN)《濒危物种红色名录》评为极危(critically endangered, CR)物种。受保护等级、伦理要求和样本获取条件限制，目前关于该物种的系统性疾病资料仍较缺乏。因此，识别其潜在病原威胁时，有必要综合参考人类与非人灵长类动物共患病、同域野生动物病原携带情况及环境暴露风险。依据病原体属性和传播特征，本文将主要疾病风险归纳为病毒性疾病、细菌性疾病、寄生虫病和其他相关疾病。

1.1　病毒性疾病风险　病毒性疾病具有传播速度快、范围广、易造成流行的特点，是海南长臂猿疾病预防中应重点关注的风险类型。呼吸道病毒风险尤为突出，研究表明，人呼吸道合胞病毒(human respiratory syncytial virus, HRSV)曾在圈养白掌长臂猿(*Hylobates lar*)中引发致命性肺炎[13]，SARS-CoV-2 感染研究也提示，部分非人灵长类具有潜在易感性[14]。近年来，随着生态旅游、科研监测和巡护活动增加，进一步提升了人源呼吸道病毒经人–猿界面发生反向溢出的风险。

同域分布的猕猴等灵长类动物可能携带多种病毒，并通过共享空间、食物资源或环境介质增加跨物种传播机会。B 型疱疹病毒(B virus)主要宿主为猕猴类动物，但具有跨物种感染能力，可在非天然宿主中引发严重神经系统疾病[15]。此外，猕猴等同域物种可能参与病原维持、重组和扩散过程，从而增加海南长臂猿的间接暴露风险[16–17]。在啮齿类动物中发现的长臂猿白血病病毒(gibbon ape leukemia virus, GALV)内源性病毒元件，也提示病毒在不同哺乳动物类群间可能存在潜在的跨种传播[18]。

1.2　细菌性疾病风险　细菌性疾病风险主要来源于机会致病菌的环境暴露、人类活动引发的病原输入及家畜家禽相关病原的溢出。在人兽共患病方面，现有研究发现，土拉弗朗西斯菌(*Francisella tularensis*)可导致欧洲圈养的白掌长臂猿感染并死亡，提示长臂猿对部分细菌性人兽共患病原可能较为敏感[19]。在环境源病原方面，类鼻疽伯克霍尔德菌(*Burkholderia pseudomallei*)等病原可在土壤和水体中存活，人类活动引起的土壤扰动、水源污染或地表径流增加，可能提高灵长类动物接触该类病原的风险[20]。

在畜禽与长臂猿可能发生间接接触的区域，家畜家禽粪便、饲养点径流和人员携带物均可能将病原带入栖息地。已有研究报道，沙门氏菌(*Salmonella* spp.)曾导致圈养的马来亚长臂猿发生群体性死亡，提示畜禽相关细菌病原存在向长臂猿类动物传播并造成健康危害的风险[21]。同样，胞内劳森菌(*Lawsonia intracellularis*, LI)可感染圈养的戴帽长臂猿(*Hylobates pileatus*)并引发增生性肠病，相关病例死亡率高达 80%，鉴于该菌常见宿主包括猪等家畜，应关注家畜病原体进入灵长类种群的潜在风险[22]。

1.3　寄生虫病风险　寄生虫风险通常与粪便污染、水源卫生、食源污染和周边动物活动等方面密切相关。对海南长臂猿而言，寄生虫感染可能通过消耗营养、损伤肠道黏膜或诱发慢性炎症降低个体健康水平，进而削弱种群对其他病原的抵御能力。在肠道寄生虫方面，蓝氏贾第鞭毛虫(*Giardia duodenalis*)已在圈养的非人灵长类动物中检出。该虫具有一定人兽共患传播潜力，受粪便污染的食物、水体或环境可能成为灵长类动物感染的重要途径，因此应将粪源污染和粪–口传播风险纳入日常防控重点[23]。

此外，贝利斯蛔虫(*Baylisascaris procyonis*)等寄生虫可对灵长类动物造成严重损害，其传播通常与粪便污染的土壤、水体及其他环境介质有关[24]。在海南长臂猿分布区，若保护区边界存在家畜放养、粪污堆积或水源污染等情况，可能会导致寄生虫卵、卵囊等感染性阶段在环境中留存和传播的风险增加[25]。

1.4　其他疾病　除病毒性、细菌性和寄生虫性疾病外，机会性感染、自由生活原生动物感染以及病因未明的非特异性综合征同样需要纳入监测范围。例如，狒狒巴拉姆希阿米巴(*Balamuthia mandrillaris*)可在多种狭鼻猴类，包括长臂猿体内

引发肉芽肿性脑膜脑炎，该原生动物广泛存在于土壤和淡水环境中，早期识别和防控难度较大[26]。同时，海南热带雨林生态系统生物多样性高，海南长臂猿与同域野生动物共享空间、食源和环境介质，不明原因发病或死亡事件可能提示新的病原暴露或环境风险，应建立规范化的监测、采样和快速排查机制[27−28]（表 1）。

2 病原传播的环境驱动因素

环境通过影响病原体存活、宿主暴露、宿主种群接触结构和传播媒介活动，调控疾病发生与传播过程。海南长臂猿分布范围窄，栖息地质量及其变化直接关系到种群健康风险。综合现有研究和保护实践，栖息地破碎化、环境污染、气候变化及人类活动共同构成其病原传播风险的重要环境驱动因素。

2.1 栖息地破碎化 栖息地破碎化（habitat fragmentation）是指在自然干扰或人为活动影响下，原本连续分布的栖息地被分割为面积较小、相互隔离斑块的过程，强调栖息地空间格局和连通性改变，而不仅是栖息地面积减少[29]。对于活动范围受限、依赖树冠连续性的海南长臂猿而言，栖息地破碎化不仅限制个体扩散和基因交流，也可能通过改变动物接触网络和环境暴露途径增加疾病风险。

2.1.1 土地利用变化 土地利用变化会直接改变森林空间结构。森林砍伐、农地开垦及交通、水利等基础设施建设，可能导致栖息地丧失、边缘化和斑块化。一方面，适宜生境缩小会压缩海南长臂猿活动空间，使家庭群内部或相邻群间的空间利用更加集中，从而增加个体接触和病原传播机会[7]；另一方面，林地边缘和人类活动交错区增多，会提高海南长臂猿与啮齿类、家畜家禽及其他同域动物间接接触的频率，进而增加人兽共患病溢出风险[30−31]。

2.1.2 人类活动 人类活动通过重塑人、猿、畜禽和同域野生动物的接触区域，放大病原输入和传播风险。在海南热带雨林国家公园中生态旅游、日常巡护和科研监测等活动使人员进入重点栖息地的频率增加；道路、步道和管护设施也可能形成边缘效应，增加海南长臂猿与周边社区、家畜家禽及同域野生动物的间接接触机会。上述变化可能提高人源或畜禽源病原向野生灵长类动物溢出的风险，因此需要将生物安全管理与活动强度控制纳入保护区日常管理。

生物多样性丧失和生态系统失衡还可能改变

表 1 海南长臂猿潜在病原体分类汇总

Tab. 1 Classification of potential pathogens threatening the Hainan gibbon

类别 Category	代表性风险/疾病 Representative pathogens/diseases	潜在来源/传播提示 Potential sources/transmission implications	参考文献 References
病毒性疾病 Viral diseases	HRSV、SARS-CoV-2、B型疱疹病毒等 HRSV, SARS-CoV-2, B virus, etc.	人−猿界面接触；同域灵长类可能参与病原维持、重组或溢出 Human-gibbon interface; sympatric primates may facilitate maintenance, recombination or spillover	[13−14, 16−17]
细菌性疾病 Bacterial diseases	土拉菌病、类鼻疽伯克霍尔德菌、沙门氏菌、胞内劳森菌等 Tularemia, *Burkholderia pseudomallei*, *Salmonella* spp., *Lawsonia intracellularis*, etc.	环境暴露；畜禽−猿界面溢出 Human/environmental exposure; livestock/poultry-gibbon spillover interface	[19−22]
寄生虫病 Parasitic diseases	贾第鞭毛虫、贝利斯蛔虫等 *Giardia* spp., *Baylisascaris procyonis*, etc.	粪−口传播；食物、水体或土壤污染；家畜家禽放养 Fecal-oral transmission; contaminated food, water or soil; exposure increased by free-ranging livestock	[23−25]
其他疾病 Other diseases	自由生活的阿米巴原虫相关脑炎等 Free-living amoeba-associated encephalitis	土壤或水源污染；异常发病或死亡需快速排查 Exposure to soil and freshwater; rapid investigation of abnormal morbidity or mortality	[26−28]

宿主群落组成、病原维持机制和传播网络结构。病原多样性与宿主多样性之间常表现出一定相关性[32−34], 这也是热带和亚热带地区新发疫病风险较高的重要原因之一。人类活动引起的野生动物种群数量下降、非法捕猎贸易、交通网络扩张和跨区域流动等因素会增加病原接触机会并加速疫病扩散[35−40]。因此, 海南长臂猿疾病预防不能仅关注单一病原, 还应从生态系统完整性和人类活动管理层面降低其感染的综合风险。

2.1.3　气候变化　气候变化对疫病发生的影响受多种因素共同制约, 其作用取决于病原体、媒介生物、宿主和栖息环境等因素。不同病原和宿主对温度、湿度和降水的响应并不一致。例如, 登革热病毒(dengue virus, DENV)在温暖潮湿的季节更易传播[39, 41], 而流感病毒则更易在低温、低湿条件下传播; 新冠病毒的传播与温度之间的关系尚未形成统一结论[42]; 鼠疫等自然疫源性疾病对降水和干旱的响应也因区域生态条件不同而呈现差异[43]。

全球变暖可能推动部分媒介生物和疫病风险向高纬度、高海拔地区扩展。例如, DENV 及其媒介蚊虫的适宜分布范围可能随气候变暖而改变, 相关传播媒介已在高海拔地区出现[44]; 黄胸鼠(*Rattus tanezumi*)等啮齿动物的分布变化也可能影响鼠疫等自然疫源性疾病的风险格局[45]。同时, 极端低温、暴雨、干旱等气候事件可通过诱发食物短缺、栖息地退化和宿主营养应激等连锁效应削弱个体免疫力, 从而增加疾病传播风险[46]。可见, 气候变化对疫病风险的影响并非单向线性过程, 而是由宿主、病原、媒介和环境条件共同决定[47]。

2.2　栖息地环境污染　栖息地环境污染是病原体传播的重要途径之一, 其中水体污染尤为突出。流经村庄、农田或旅游设施的地表径流可能携带细菌、寄生虫卵囊和有机污染物, 并污染海南长臂猿可能饮用或取食相关的溪流、季节性水洼和积水[47]。土壤作为多种寄生虫和自由生活病原体的环境储存介质, 其污染状况同样值得关注。栖息地破碎化引起的土壤侵蚀还可能促进病原体向水体和低洼区域扩散。

食源污染也是潜在风险。保护区周边农田使用的农药、化肥及其他化学物质, 可能通过空气漂移、降雨径流或土壤迁移污染海南长臂猿取食的叶片和果实。此类化学污染物未必直接导致感染性疾病, 但可能干扰肠道微生物群落、诱发应激反应或影响免疫功能, 进而降低个体对病原体的抵抗力[48−49]。因此, 环境污染管控既应关注病原体输入, 也应关注化学污染和生态应激对宿主易感性的间接影响。

3　海南长臂猿疾病预防环境管控策略

3.1　人–猿界面生物安全与活动管控　疾病预防(disease prevention)是指在疾病发生之前或早期阶段, 通过识别危险因素、切断传播途径和降低宿主暴露来减少疾病发生风险的一系列措施; 疾病管控(disease control)则是在疾病已经出现或存在传播风险时, 通过持续监测、干预和处置将发病与传播水平控制在可接受范围内。对于海南长臂猿这一极小种群物种, 防控策略应坚持“预防优先、风险前移、快速响应”的原则, 重点降低人源及畜禽源病原进入海南长臂猿种群的可能性。

管控的核心在于严格管理人类活动, 以降低人源病原体向长臂猿种群溢出的风险。所有进入海南长臂猿重点栖息地(图 1)的科研人员、巡护人员、管护人员、媒体人员及其他访客, 均应执行统一的生物安全规程: 1)进入前连续 7 d 开展健康监测, 出现发热、咳嗽、咽痛、腹泻、皮疹等症状者不得进入; 待临床症状消失满 7 d 且经健康评估无风险后, 方可恢复野外工作; 2)建立人员健康档案和疫苗接种记录, 对长期在岗的管护人员、监测队员和研究人员开展定期健康培训; 3)在进入各家庭群核心家域的主要通道设置生物安全卡口, 对鞋底、衣物外层和野外装备进行消毒; 跨家庭群活动区域作业时, 应重复实施装备清洁和消毒; 4)严格禁止吐痰、随意丢弃食物和垃圾、接触或投喂野生动物等行为; 在近距离作业或呼吸道疾病风险较高时期, 应规范佩戴口罩并控制停留时间。5)加强管护站、科研营地和临时作业点的卫生管理, 规范污水、厨余和生活垃圾处理, 避免形成新的病原输入源。

疾病早期识别应与行为监测相结合。野生灵长类动物在自然环境中出现明显临床症状的机会有限, 受感染个体可能因维持社会地位或降低被捕食风险而减少异常行为暴露。在病情加重时, 个体还可能主动远离群体, 增加现场发现难度。因此, 应通过持续跟踪、红外相机监测、声学监测

和标准化行为记录等手段，持续关注活动时间下降、休息时间增加、取食量减少、运动能力受限、社交互动减少或掉队等异常信号。对社会互动、资源利用和活动范围等指标进行量化分析，有助于识别潜在传播路径，为疑似疫病的现场研判、样本采集及应急快速处置提供科学依据。

3.2 栖息地环境与病原监测

3.2.1 土壤检测 土壤是多种病原体和寄生虫在环境中存活的重要介质，也是粪–口传播风险评估的关键环节。在海南长臂猿栖息地，土壤监测应围绕粪源输入、病原暴露和环境卫生设置指标。常用粪源指示菌包括总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希菌和肠球菌等。上述指标本身未必代表致病因子，但可作为粪便污染及其变化趋势的快速信号，用于提示肠道细菌、病毒或原虫随粪便进入环境的可能性。必要时，还可结合寄生虫卵、卵囊和有机污染指标，综合判断粪污输入及环境卫生状况。

监测点位应布设在巡护步道、游客停留点、管护站周边、保护区边界与社区或放牧活动交界地带、雨季径流汇入区等代表性位置，以提高对风险变化的敏感性。监测方法可采用固定点位定期取样、雨季与旱季对照，以及暴雨后加密取样相结合的方式。样品检测以常规微生物学和寄生虫学检查为基础，当监测指标异常升高或出现疑似疾病事件时，可进一步开展分子检测和溯源分析。

3.2.2 水体检测 水体是野生动物、家畜家禽和人群共同接触的环境介质。地表径流可将村庄、

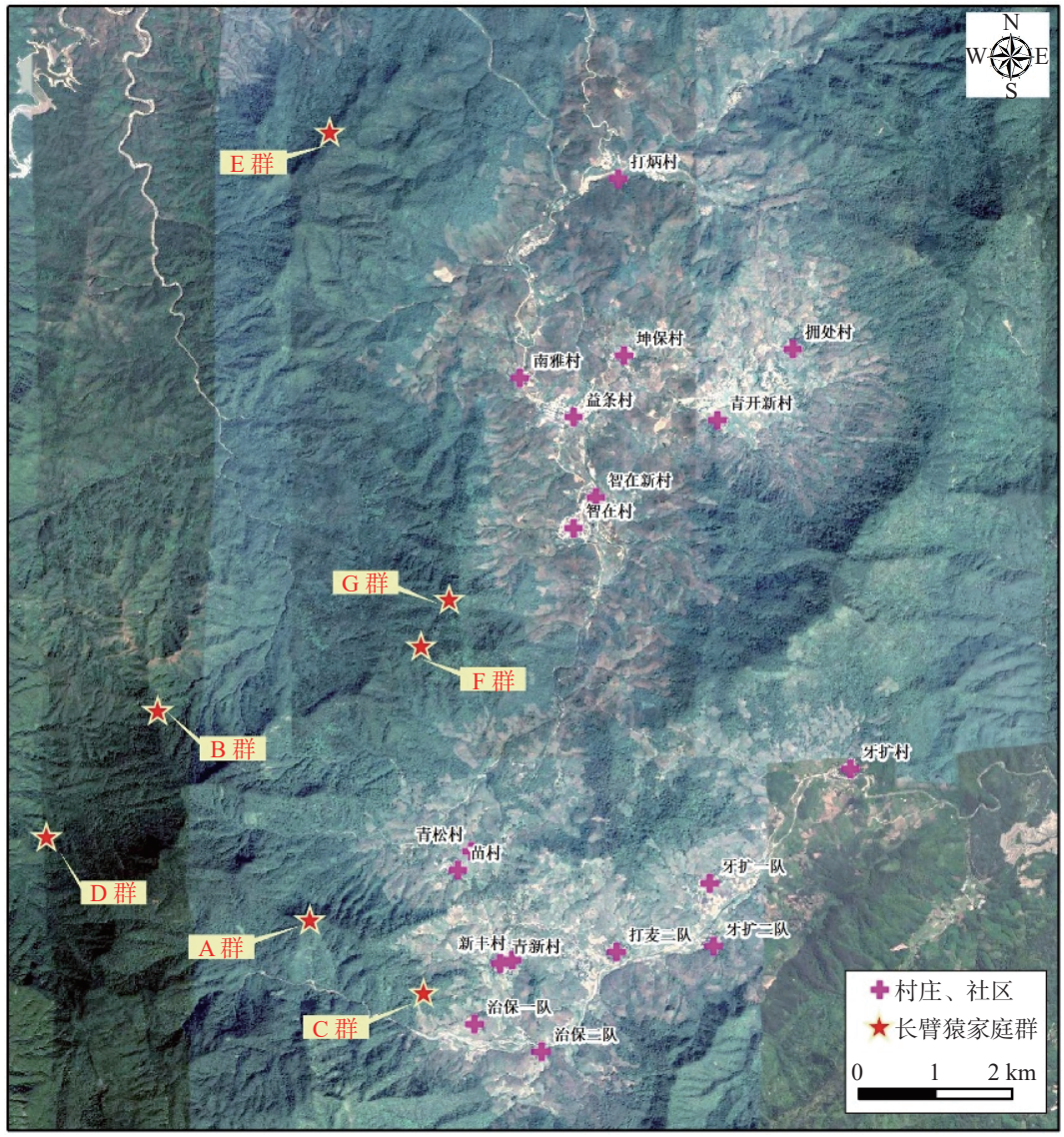

图 1 海南长臂猿栖息地分布图

Fig. 1 Distribution of Hainan gibbon habitat and family groups

农田或人类活动点的污染物与病原体带入溪流、季节性水洼和雨后汇水区。针对海南长臂猿,应将其可能饮水或与取食活动相关的水体纳入监测范围。监测内容以粪源污染和肠道病原相关指标为主,并结合浊度、悬浮物等水质指标,辅助判断雨后地表径流带来的泥沙、颗粒物及潜在污染输入。对于风险较高或监测结果异常的点位,可进一步开展寄生虫卵囊及特定病原检测。

监测频次应随季节和降雨过程动态调整。雨季和暴雨后可适当加密监测,以捕捉短期径流输入导致的病原或污染物波动。当水体指标异常时,应开展上游溯源调查,重点排查放牧点、游客聚集点、排污口、垃圾堆放点和临时施工点等潜在来源,并采取设置缓冲带、规范污水与垃圾管理、限制高风险时段进入等措施。

3.2.3　空气传播风险监测　在海南长臂猿疾病预防中,空气相关监测应服务于人源呼吸道病原输入风险识别,而不宜仅停留在一般性空气污染评价。科研监测、巡护和生态旅游等活动进入核心栖息地时,应重点核查进入人员健康状况,并结合活动规模、停留时长和观察距离等情况,评估人–猿界面可能存在的飞沫或气溶胶暴露风险。对出现咳嗽、喷嚏、发热等呼吸道症状的人员,应暂停其进入栖息地。

在条件允许时,可在重点点位开展空气样品或高频接触表面样品采集,为呼吸道病原暴露风险研判提供辅助依据。在长期管理中,应将该类风险纳入保护区日常生物安全制度,并根据风险评估结果采取人员限流、缩短停留时间、保持必要观察距离和规范佩戴口罩等措施。在周边地区出现疫情风险提示时,应及时暂停相关活动或调整监测安排,以降低人源病原进入海南长臂猿栖息地的可能性。

3.3　同域分布野生动物及迁徙性野生动物疾病(禽流感)监测　野生动物疫源疫病监测是围绕野生动物种群健康状态及其生境病原暴露风险,持续开展观察、取样、检测和信息报告的工作体系。其目标在于尽早识别个体行为异常、发病、非正常死亡或环境指标异常等信号,并通过规范的报告、检验和处置流程,将潜在风险控制在可管理范围内。对于海南长臂猿这类极小种群濒危物种而言,监测的意义不仅在于发现疾病事件本身,还在于通过长期数据积累建立健康基线、识别风险驱动因素,并为环境管控措施调整提供依据。主要监测疫病种类见表 2。

在监测实施层面,可按照重点区域定期巡查、重点时段加密监测和异常事件即时响应的思路开展工作。依托保护区管护体系,在海南长臂猿活动频繁区域、人与海南长臂猿接触风险较高的区域,如步道、科研监测点和管护站周边,以及可能受社区放牧和家禽活动影响的边界地带,开展定期巡护和现场观察。对关键点位,可结合红外相机、视频监控等设备进行连续记录,以掌握个体活动变化,及时发现异常行为,并减少直接人为干扰。保护区还应加强社区宣传和协作,引导公众避免拾捡或接触病死野生动物,发现异常情况后及时报告,并由专业人员进行处置。进入重点区域的人员和物资,应落实手卫生、鞋底消毒、装备清洁等生物安全措施,降低人为携带病原进入栖息地的风险。

当发现疑似疫情或异常死亡事件时,应按照应急预案启动处置程序,及时上报主管部门并开展现场风险评估。对疑似发病个体或救护个体,应在条件允许的情况下进行隔离观察;对可能受

表 2　主要监测疫病种类

Tab. 2　Major disease categories for monitoring

鸟类 Birds	兽类 Mammals	其他 Others
细菌性传染病 Bacterial infectious diseases	细菌性传染病(鼠疫、结核、布鲁氏菌病等) Bacterial infectious diseases (plague, tuberculosis, brucellosis, etc.)	不明原因发病或死亡事件 Morbidity or mortality events of unknown cause
病毒性传染病 Viral infectious disease	病毒性传染病(流感、口蹄疫等) Viral infectious diseases (influenza, foot-and-mouth disease, etc.)	国家要求监测的其他疫病 Other diseases requiring national monitoring
衣原体病 Chlamydiosis		
立克次体病 Rickettsioses		

污染的点位，应开展针对性消毒和环境清理；对病死动物尸体，应按照生物安全要求进行无害化处理，并规范采样送检，为病原诊断和溯源分析提供依据。上述工作应与日常监测数据相衔接，使监测、风险研判、应急处置和事后总结形成连续管理过程，持续提升保护区疾病预防和环境管控能力。

3.4 生境质量提升与生态廊道建设 提升栖息地质量和连通性是保障海南长臂猿长期健康的核心策略。栖息地破碎化和孤岛化限制了长臂猿活动范围，使种群更易出现空间隔离和基因交流不足，从而加剧极小种群的生存风险[50]，因此，应优先识别连接霸王岭现有分布区与周边潜在适宜生境的关键通道，逐步构建生态廊道，以扩大有效生存空间并促进个体扩散和基因流动。

生态廊道建设应重点恢复本土食源植物和树冠连续性。植被恢复宜优先选用海南长臂猿常取食的乡土树种，改善乔木层结构，并提高不同季节食物资源的稳定性。对道路、滑坡地及其他树冠断裂区域，可在充分评估地形条件、使用频率和安全风险的基础上，设置人工树冠桥梁，减少长臂猿下地移动或跨越断裂带时面临的风险。同时，应加强退化生境修复、水源保护和外来干扰控制，降低长臂猿因食物不足而扩大活动范围、接触污染水源或潜在污染食物的可能性。通过上述措施，可改善栖息地质量，降低环境暴露风险，为海南长臂猿种群健康和长期恢复提供基础保障。

4 展 望

海南长臂猿疾病防控应由疾病发生后的应急处置，逐步转向以风险识别和前端预防为核心的长期生态健康管理。在“全健康（one health）”理念下，人类、家畜家禽、野生动物和生态系统健康相互关联，疾病预防不应仅限于动物个体层面，而应纳入国家公园栖息地保护、社区管理和公共卫生协同治理之中[51]。

国际大型类人猿保护实践可为海南长臂猿疾病防控提供参考。IUCN 相关指南提出，在大型类人猿旅游、科研和监测活动中，应重视人员健康筛查，限制患病人员进入，控制观察距离和停留时间，规范口罩使用，加强手卫生，并优先采用非侵入性样品开展健康监测[52−54]。海南长臂猿虽不属于大型类人猿，但其种群数量更少、分布范围更集中，对疾病事件和人为干扰的承受能力更低。因此，相关经验可作为参考，但不宜简单照搬。应结合海南热带雨林国家公园的气候条件、地形特征、巡护方式、社区分布和科研监测需求，建立适用于本地的生物安全管理制度。

在监测技术方面，海南长臂猿疾病防控应优先采用非侵入性方法，减少捕捉、麻醉和直接接触带来的干扰。未来可在现有巡护和行为观察基础上，结合自动声学监测、红外相机、图像识别、粪便病原检测、粪便激素和肠道微生物分析等技术，持续记录个体活动、群体行为、栖息地变化和潜在健康风险[55−57]。这类方法既符合极危物种保护伦理，也有助于建立长期健康基线，为异常行为识别和风险研判提供数据支持。

在管理实践方面，应将疾病预防嵌入巡护、科研监测、生态旅游、媒体拍摄和社区共管等日常工作。对进入核心栖息地的人员，应明确健康申报、进入许可、人数控制、停留时间、观察距离、口罩使用、装备清洁和离场消毒等要求[52−54]。对保护区边界社区，应加强家畜家禽放养管理、粪污处理、水源保护和公众宣传，减少人类活动及畜禽活动向核心栖息地输入病原的机会。当发现长臂猿行为异常、环境指标异常或病死野生动物时，应及时开展现场核查、风险研判、样品送检和后续处置，并将处置结果反馈到日常管理中，持续优化防控措施。

在栖息地管理方面，疾病防控应与生境质量提升同步推进。已有研究指出，适宜栖息地不足和连通性受限仍是海南长臂猿种群恢复的重要限制因素[5, 50]。人工树冠桥梁可在短期内帮助长臂猿跨越森林断裂带，但长期仍应以自然廊道恢复和本土食源植物恢复为重点[12]。因此，未来应继续加强退化生境修复、树冠连续性恢复、水源保护和外来干扰控制，减少长臂猿因食物不足、活动范围扩大或接触污染水源而增加病原暴露的可能性。

在研究层面，应加强海南长臂猿遗传多样性、免疫状态、肠道微生物、潜在病原和环境暴露之间关系的综合研究[2−3, 50, 56]。可在霸王岭片区持续开展示范性监测，将长期行为资料、栖息地监测结果、非侵入性健康指标和环境样品检测结果进行联合分析，评估不同管理措施的实际效果。在此基础上，逐步形成适用于极小种群濒危灵长类动

物的疾病预防模式,为中国其他濒危野生动物健康管理和国家公园生物安全建设提供参考。

参考文献:

[1] Zhong X K, Huang X, Zhu C Y, et al. Science-based suggestions to save the world's rarest primate species *Nomascus hainanus*[J]. Science Advances, 2025, 11(15): eadv4828. https://doi.org/10.1126/SCIADV.ADV4828

[2] Bryant J V, Gottelli D, Zeng X, et al. Assessing current genetic status of the Hainan gibbon using historical and demographic baselines: implications for conservation management of species of extreme rarity[J]. Molecular Ecology, 2016, 25(15): 3540−3556. https://doi.org/10.1111/mec.13716

[3] Guo Y Q, Peng D, Han L, et al. Mitochondrial DNA control region sequencing of the critically endangered Hainan gibbon (*Nomascus hainanus*) reveals two female origins and extremely low genetic diversity[J]. Mitochondrial DNA B Resources, 2021, 6(4): 1355−1359. https://doi.org/10.1080/23802359.2021.1909432

[4] Bryant J V, Zeng X Y, Hong X J, et al. Spatiotemporal requirements of the Hainan gibbon: does home range constrain recovery of the world's rarest ape?[J]. American Journal of Primatology, 2017, 79(3): e22617. https://doi.org/10.1002/ajp.22617

[5] He Q Q, Yan S S, Garber P A, et al. Habitat restoration is the greatest challenge for population recovery of Hainan gibbons (*Nomascus hainanus*)[J]. Integrative Zoology, 2023, 18(4): 630−646. https://doi.org/10.1111/1749-4877.12684

[6] MacPhee R D E, Greenwood A D. Infectious disease, endangerment, and extinction[J]. International Journal of Evolutionary Biology, 2013, 2013(1): 571939. https://doi.org/10.1155/2013/571939

[7] McCallum H, Dobson A. Disease, habitat fragmentation and conservation[J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2002, 269(1504): 2041−2049. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2079

[8] Wilkinson D A, Marshall J C, French N P, et al. Habitat fragmentation, biodiversity loss and the risk of novel infectious disease emergence[J]. Journal of the Royal Society Interface, 2018, 15(149): 20180403. https://doi.org/10.1098/rsif.2018.0403

[9] Diuk-Wasser M A, Vanacker M C, Fernandez M P. Impact of land use changes and habitat fragmentation on the eco-epidemiology of tick-borne diseases[J]. Journal of Medical Entomology, 2021, 58(4): 1546−1564. https://doi.org/10.1093/jme/tjaa209

[10] Breed A C, Plowright R K, Hayman D T S, et al. Disease management in endangered mammals[M]//Delahay R J, Smith G C, Hutchings M R. Management of disease in wild mammals. Tokyo: Springer, 2009: 215−239. https://doi.org/10.1007/978-4-431-77134-0_11

[11] Mackenzie J S, Jeggo M, Daszak P, et al., eds. One health: the human-animal-environment interfaces in emerging infectious diseases: the concept and examples of a one health approach[M]. Berlin, Heidelberg: Springer, 2013: X, 362. https://doi.org/10.1007/978-3-642-36889-9

[12] Chan B P L, Lo Y F P, Hong X J, et al. First use of artificial canopy bridge by the world's most critically endangered primate the Hainan gibbon *Nomascus hainanus*[J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 15176. https://doi.org/10.1038/s41598-020-72641-z

[13] Sojka P A, Ploog C L, Garner M M, et al. Acute human orthopneumovirus infection in a captive white-handed gibbon[J]. Journal of Veterinary Diagnostic Investigation, 2020, 32(3): 450−453. https://doi.org/10.1177/1040638720910521

[14] Hobbs E C, Reid T J. Animals and SARS-CoV-2: species susceptibility and viral transmission in experimental and natural conditions, and the potential implications for community transmission[J]. Transboundary and Emerging Diseases, 2021, 68(4): 1850−1867. https://doi.org/10.1111/tbed.13885

[15] Woźniakowski G, Samorek-Salamonowicz E. Animal herpesviruses and their zoonotic potential for cross-species infection[J]. Annals of Agricultural and Environmental Medicine, 2015, 22(2): 191−194. https://doi.org/10.5604/12321966.1152063

[16] Kaewchot S, Tangsudjai S, Sariya L, et al. Zoonotic pathogens survey in free-living long-tailed macaques in Thailand[J]. International Journal of Veterinary Science and Medicine, 2022, 10(1): 11−18. https://doi.org/10.1080/23144599.2022.2040176

[17] Kosoltanapiwat N, Tongshoob J, Ampawong S, et al. Simian adenoviruses: molecular and serological survey in monkeys and humans in Thailand[J]. One Health, 2022, 15: 100434. https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2022.100434

[18] Alfano N, Michaux J, Morand S, et al. Endogenous gibbon ape leukemia virus identified in a rodent (*Melomys burtoni* subsp.) from Wallacea (Indonesia)[J]. Journal of Virology, 2016, 90(18): 8169−8180. https://doi.org/10.1128/jvi.00723-16

[19] Mehl C, Mätz-Rensing K, Linde J, et al. Case report: tularaemia in a white-handed gibbon (*Hylobates lar*), Germany[J]. International Journal of Veterinary Science and Medicine, 2023, 11(1): 121−125. https://doi.org/10.1080/23144599.2023.2264084

[20] Pal M, Tewari A, Gerbaba N D, et al. Melioidosis: an emerging yet neglected bacterial zoonosis[J]. Journal of Bacteriology & Mycology: Open Access, 2022, 10(2): 62-65. doi:10.15406/jbmoa.2022.10.00323

[21] Berkowitz A, Blum S E, Horowitz Y, et al. Mortality in

a group of zoo siamang gibbon monkeys (*Symphalangus syndactylus*) due to *Salmonella enteritidis*. First report in Israel[J]. Israel Journal of Veterinary Medicine, 2021, 76(3): 137−142.

[22] Benoit Q, Céline F B, Marine G, et al. Suspicion of epizootic *Lawsonia intracellularis* disease in a group of pileated gibbons (*Hylobates pileatus*)[J]. Veterinary Record Case Reports, 2020, 8(4): e001284. https://doi.org/10.1136/vetreccr-2020-001284

[23] Zhong Z J, Tian Y A, Li W, et al. Multilocus genotyping of *Giardia duodenalis* in captive non-human primates in Sichuan and Guizhou provinces, Southwestern China[J]. PLoS One, 2017, 12(9): e0184913. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184913

[24] Graeff-Teixeira C, Morassutti A L, Kazacos K R. Update on baylisascariasis, a highly pathogenic zoonotic infection[J]. Clinical Microbiology Reviews, 2016, 29(2): 375−399. https://doi.org/10.1128/cmr.00044-15

[25] Thompson R C A. Parasite zoonoses and wildlife: one health, spillover and human activity[J]. International Journal for Parasitology, 2013, 43(12/13): 1079−1088. https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2013.06.007

[26] Rideout B A, Gardiner C H, Stalis I H, et al. Fatal infections with *Balamuthia mandrillaris* (a free-living amoeba) in gorillas and other Old World primates[J]. Veterinary Pathology, 1997, 34(1): 15−22. https://doi.org/10.1177/030098589703400103

[27] Devaux C A, Mediannikov O, Medkour H, et al. Infectious disease risk across the growing human-non human primate interface: a review of the evidence[J]. Frontiers in Public Health, 2019, 7: 305. https://doi.org/10.3389/fpubh.2019.00305

[28] Patouillat L, Hambuckers A, Subrata S A, et al. Zoonotic pathogens in wild Asian primates: a systematic review highlighting research gaps[J]. Frontiers in Veterinary Science, 2024, 11: 1386180. https://doi.org/10.3389/FVETS.2024.1386180

[29] 武正军, 李义明. 生境破碎化对动物种群存活的影响[J]. 生态学报, 2003, 23(11): 2424−2435. https://doi.org/10.3321/j.issn:1000-0933.2003.11.027

[30] Loh E H, Murray K A, Nava A, et al. Evaluating the links between biodiversity, land-use change, and infectious disease emergence[M]//Aguirre A, Sukumar R. Tropical conservation. Oxford: Oxford University Press, 2016: 79.

[31] Plowright R K, Reaser J K, Locke H, et al. Land use-induced spillover: a call to action to safeguard environmental, animal, and human health[J]. The Lancet Planetary health, 2021, 5(4): e237−e245. https://doi.org/10.1016/S2542-5196(21)00031-0

[32] Hechinger R F, Lafferty K D. Host diversity begets parasite diversity: bird final hosts and trematodes in snail intermediate hosts[J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2005, 272(1567): 1059−1066. https://doi.org/10.1098/RSPB.2005.3070

[33] Poulin R. Parasite biodiversity revisited: frontiers and constraints[J]. International Journal for Parasitology, 2014, 44(9): 581−589. https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2014.02.003

[34] Johnson P T J, Wood C L, Joseph M B, et al. Habitat heterogeneity drives the host-diversity-begets-parasite-diversity relationship: evidence from experimental and field studies[J]. Ecology Letters, 2016, 19(7): 752−761. https://doi.org/10.1111/ele.12609

[35] Patz J A, Daszak P, Tabor G M, et al. Unhealthy landscapes: policy recommendations on land use change and infectious disease emergence[J]. Environmental Health Perspectives, 2004, 112(10): 1092−1098. https://doi.org/10.1289/ehp.6877

[36] Dirzo R, Young H S, Galetti M, et al. Defaunation in the Anthropocene[J]. Science, 2014, 345(6195): 401−406. https://doi.org/10.1126/science.1251817

[37] Loh E H, Zambrana-Torrelio C, Olival K J, et al. Targeting transmission pathways for emerging zoonotic disease surveillance and control[J]. Vector-Borne and Zoonotic Diseases, 2015, 15(7): 432−437. https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1563

[38] Young H S, McCauley D J, Galetti M, et al. Patterns, causes, and consequences of anthropocene defaunation[J]. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 2016, 47: 333−358. https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-112414-054142

[39] Cheng C Y, Li J, Liu W J, et al. Modeling analysis revealed the distinct global transmission patterns of influenza A viruses and their influencing factors[J]. Integrative Zoology, 2021, 16(6): 788−797. https://doi.org/10.1111/1749-4877.12469

[40] Xu L, Stige L C, Chan K S, et al. Climate variation drives dengue dynamics[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2017, 114(1): 113−118. https://doi.org/10.1073/pnas.1618558114

[41] Lowen A C, Mubareka S, Steel J, et al. Influenza virus transmission is dependent on relative humidity and temperature[J]. PLoS Pathogens, 2007, 3(10): e151. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PPAT.0030151

[42] Qi H C, Xiao S, Shi R Y, et al. COVID-19 transmission in Mainland China is associated with temperature and humidity: a time-series analysis[J]. Science of the Total Environment, 2020, 728: 138778. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.138778

[43] Xu L, Liu Q Y, Stige L C, et al. Nonlinear effect of climate on plague during the third pandemic in China[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011, 108(25): 10214−10219. https://doi.org/10.1073/pnas.1019486108

[44] Liu Q Y, Liu X B, Cirendunzhu, et al. Mosquitoes established in Lhasa city, Xizang, China[J]. Parasites & Vectors, 2013, 6(1): 224. https://doi.org/10.1186/1756-3305-6-224

[45] 张美文, 郭聪, 王勇, 等. 我国黄胸鼠的研究现状[J]. 动物学研究, 2000, 21(6): 487−497. https://doi.org/10.3321/j.issn:0254-5853.2000.06.013

[46] Tian H D, Yan C, Xu L, et al. Scale-dependent climatic drivers of human epidemics in ancient China[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2017, 114(49): 12970−12975. https://doi.org/10.1073/pnas.1706470114

[47] Riley S P D, Serieys L E K, Moriarty J G. Infectious disease and contaminants in urban wildlife: unseen and often overlooked threats[M]//McCleery R A, Moorman C E, Peterson M N. Urban wildlife conservation: theory and practice. Boston: Springer, 2014: 175−215. https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7500-3_10

[48] Preeti J K R, Thakur M, Suman M, et al. Consequences of pollution in wildlife: a review[J]. The Pharma Innovation Journal, 2018, 7(4): 94−102.

[49] Yang L L, Wang W X, Wronski T, et al. Community structure and environmental determinants of the bacterial and fungal gut microflora in Hainan gibbons (*Nomascus hainanus*)[J]. Global Ecology and Conservation, 2022, 36: e02114. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2022.e02114

[50] 毕玉, 金崑. 基于环境变量的海南长臂猿适宜栖息地识别[J]. 陆地生态系统与保护学报, 2022, 2(6): 79−87. https://doi.org/10.12356/j.2096-8884.2022-0070

[51] Food and Agriculture Organization of the United Nations, United Nations Environment Programme, World Health Organization, et al. One health joint plan of action (2022—2026): working together for the health of humans, animals, plants and the environment[R]. Rome: FAO, UNEP, WHO and WOAH, 2022: 86. https://doi.org/10.4060/cc2289en.

[52] Gilardi K V K, Gillespie T R, Leendertz F H, et al. Best practice guidelines for health monitoring and disease control in great ape populations[M]. Gland: IUCN SSC Primate Specialist Group, 2015: 56.

[53] Macfie E J, Williamson E A. Best practice guidelines for great ape tourism[M]. Gland: IUCN SSC Primate Specialist Group, 2010: 78.

[54] Gilardi K V, Düx A, Gillespie T R, et al. An update on great ape population health, disease control and outbreak response: supplement to the best practice guidelines for health monitoring and disease control in great ape populations[R]. Sunderland-Groves Ji, Williamson E A, Macfie E J, eds. Gland: IUCN SSC Primate Specialist Group, 2025: 31. https://doi.org/10.2305/JEPK4717.

[55] Schilling A K, Mazzamuto M V, Romeo C. A review of non-invasive sampling in wildlife disease and health research: what's new?[J]. Animals, 2022, 12(13): 1719. https://doi.org/10.3390/ani12131719

[56] Dufourq E, Durbach I, Hansford J P, et al. Automated detection of Hainan gibbon calls for passive acoustic monitoring[J]. Remote Sensing in Ecology and Conservation, 2021, 7(3): 475−487. https://doi.org/10.1002/rse2.201

[57] Wang X L, Wen S P, Niu N, et al. Automatic detection for the world's rarest primates based on a tropical rainforest environment[J]. Global Ecology and Conservation, 2022, 38: e02250. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2022.e02250

Disease prevention in an endangered species: A case study of environmental management for Hainan gibbon

Lyu Guanxin[1,2,3#], Bi Yu[1,2,3], Yu Sisi[1,2,3], Jin Kun[1,2,3*]

（1. Hainan Institute of National Park/Key Laboratory for National Park Protection and Development of Hainan Province, Haikou, Hainan 570203, China; 2. Ecology and Nature Conservation Institute, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China; 3. Key Laboratory of Biodiversity Conservation of National Forestry and Grassland Administration, Beijing 100091, China）

Abstract: Hainan gibbon (*Nomascus hainanus*) is endemic to China and is one of the world's most endangered primates. The species is now confined to the Bawangling area of Hainan Tropical Rainforest National Park, where only seven family groups and 42 individuals remain available. Its extremely small population size and low genetic diversity may reduce its capacity to withstand pathogen exposure, making any disease outbreak a potential threat to population persistence. With an emphasis on prevention, this paper reviews the potential pathogen risks faced by the Hainan gibbon, including viral, bacterial and parasitic diseases, as well as other opportunistic infections. It also examines how habitat fragmentation, environmental contamination, climate change and human activities may shape pathogen transmission risks. Based on these considerations, a set of environmental management measures is proposed, including biosecurity management in areas where people may come into contact with gibbons, habitat and pathogen monitoring, disease surveillance in sympatric wildlife, habitat improvement and ecological corridor restoration. Disease risk management for the Hainan gibbon should be developed within a One Health framework that links wildlife health, habitat management and community participation with early warning and response. These recommendations may form disease prevention strategies for other critically endangered primates with extremely small populations.

Keywords: *Nomascus hainanus*; Hainan Tropical Rainforest National Park; disease prevention; pathogen transmission; environmental control; One Health

(责任编辑:钟云芳)