

計畫編號：MOHW106-CDC-C-315-000104

衛生福利部疾病管制署 106 年委託科技研究計畫

計畫名稱：特殊寄生蟲感染之檢驗及監測

年度研究報告

執行機構：疾病管制署檢驗及疫苗研製中心

計畫主持人：李淑英主任

協同計畫主持人：

研究人員：許世芬、盧欣嶸、張家豪、林子琦

執行期間： 106 年 01 月 01 日至 106 年 12 月 31 日

\*本研究報告僅供參考，不代表本署意見，如對媒體發布研究成果應事先徵求本署同意

## 目 錄

目次	頁碼
壹、摘要.....	( 5 )
貳、本文	
一、前言.....	( 7 )
二、材料與方法.....	( 10 )
三、結果.....	( 15 )
四、討論.....	( 19 )
五、結論與建議.....	( 20 )
六、重要研究成果及具體建議.....	( 21 )
七、參考文獻.....	( 22 )
八、圖表.....	( 22 )

圖次	頁碼
圖一、巴貝氏原蟲之 PCR 反應結果.....	(22)
圖二、弓形蟲恆溫式環形核酸增幅法.....	(23)
圖三、針對弓形蟲 B1 gene 檢測結果.....	(23)
圖四、針對 SAG2gene 進行弓形蟲分型檢測結果.....	(23)
圖五、以限制酶 Sau3AI 進行分型實驗結果.....	(24)

表次	頁碼
表一、痢疾阿米巴送檢人數百分比.....	(24)
表二、痢疾阿米巴陽性於各族群送檢數百分比.....	(25)
表三、以各分居管制中心轄下送檢之痢疾阿米巴陽性百分比.....	(25)
表四、非痢疾阿米巴鏡檢結果百分比.....	(26)
表五、本年度隱孢子蟲基因樹狀圖表.....	(26)

## 計畫中文摘要

全球性以及人類與動物之間的頻繁接觸使得新興與再浮現傳染性疾病發生率逐年上升且迅速成長；除此之外，由於野生環境的開發，人畜共通傳染病在傳染性疾病中佔有相當大的比例。在新興傳染病和新生傳染病中，發達國家通寄生蟲病常被忽略。然而，許多國家重新瘧疾和瘧疾輸入以及特殊高危群體隱孢子蟲病的爆發流行凸顯了檢測寄生蟲病的重要性。。

本計畫目標包括：

### 一、 建立寄生蟲感染源監測網路：

建立良好之傳染病通報網路，以即時監測疾病之流行情況包含法定與非法定寄生蟲傳染病。

### 二、 未知或新興寄生蟲檢驗技術與檢測平台之開發：

包括分子生物學之診斷工具，如：巢式 PCR、即時定量 PCR、恆溫式圈環形核酸增幅法與病原體之培養等，透過適當地擷取各種技術之優點，建立偵測病原的檢測方法，包括未知病原的檢測。

### 三、 建立病原體防疫資料庫：

進行陽性個案之病原體基因序列分析，以基因演化樹分析法，區別蟲株之間差異性與是否屬於人畜共通傳染病源。

透過三大主軸之執行，本計畫以即時鑑定法定傳染病原體、發現新興病原體為短期目標，以強化防疫時效並且減少社會衝擊，並以累積足夠的實驗室檢驗能量與他國建立共同合作關係，於未來面對疫病流行時，可成為主動之協助者。

關鍵詞：新興/再浮現傳染病、寄生蟲感染症、被忽略之熱帶疾病

計畫英文摘要：

- Emerging and reemerging infectious diseases is occurring and increasing at an unprecedented speed due to globalization and increased contact between humans and animals. In addition, due to the development of wildlife habitats, zoonotic diseases account for the majority of emerging and reemerging diseases. Among the emerging and reemerging infectious diseases, parasitic diseases are usually neglected in developed countries. However, the resurge and importation of malaria in many countries and outbreaks of cryptosporidiosis in targeted high risk groups have underscored the importance of detection of parasitic diseases. In this study, diagnostic platforms for parasitic diseases are established by adequately integrating many kinds of molecular diagnostic techniques enabling the detection of clinically important parasitic pathogens. Our goals include: 1. to build up parasites surveillance network; 2. to develop an emerging/re-emerging parasitic infectious diseases diagnostic platform by using molecular biological diagnosis and microscopy; 3. to establish a parasite gene sequence databases. Our short-term aim is to diagnose parasites infection and discover the novel parasite infections. run and further. In the long run, we hope to strengthen the effectiveness of disease prevention as well as international collaboration.

Key words: emerging and reemerging infectious diseases, neglected tropical diseases

## 一、前言

全球化的過程使國際貿易、海外旅遊與居住者遷徙的頻率顯著增加，而這些因子對於新興與再浮現傳染性疾病的傳播，扮演了一個相當重要的角色。在 21 世紀，這些全球性的傳染性疾病，不僅發生率增加且預料之外地速度迅速成長；除此之外，由於人類與動物之間的頻繁接觸與野生環境的開發，因此與新興與再浮現傳染性疾病中人類與野生動物間傳播的人畜共通傳染病也佔有相當大的比例。新興與再浮現傳染病的流行，可歸因於多種社會的不同的層面，如：公共衛生、醫療體系、外在環境、動物健康、食品安全、公共政策等多個層面，而這些是相當重要且需要受到重視的，其中醫療體系與外在環境則是傳染病預防體系中之著力標的。

根據美國國家衛生研究院其將新興與再浮現傳染病分成三大部分，第一類為近 20 年來被新鑑定之傳染性疾病、第二類則涵蓋再浮現之傳染病，第三大類包含可利用於生物恐怖攻擊潛在威脅之傳染性疾病，而第三大類傳染病中更列出許多被忽略之熱帶疾病 (NTD) 的病原體。被忽略之熱帶疾病在過去一直都被視為防疫上之死角，其在社會中、國際上都是一個被長期忽略的部分，但在一些資源較缺乏之國家或發展中的國家，仍造成地區性的流行；另一方面由於全球化與全球暖化之影響，使得被忽略之熱帶疾病有逐漸蔓延至其他國家之趨勢，因此對於被忽略之熱帶疾病的流行預防，是未來的防疫重要目標之一。以下則以被忽略熱帶疾病之常見寄生蟲感染分別論述之：

由痢疾阿米巴原蟲 (*E. histolytica*) 所引起的疾病，主要寄生於腸道，偶爾會伺機穿過腸道黏膜侵入身體其他器官；主要引發下痢腸炎，嚴重者有肝膿瘍的發生。痢疾阿米巴生活史主要有囊體及活動體 (trophozoite) 兩種階段，其傳染途徑為糞口傳染。全球每年估計有五億人感染過阿米巴痢疾，導致十萬人死亡，世界衛生組織將之列為極重要之熱帶腸道寄生蟲傳染病。雖然有些人感染 *E. histolytica* 沒有症狀，但仍可能侵入黏膜，造成潰瘍或膿瘍，而感染 *E. dispar* 的人則不會，因此 WHO 建議只對 *E. histolytica* 的病人加以治療，因此正確診斷 *E. histolytica* 感染非常重要，影響後續 amoebiasis 的投藥治療策略。

梨形鞭毛蟲症 (Giardiasis) 是由 *G. lamblia* 所引起，分布遍及全世界，是人類腸道最常見的鞭毛蟲，為有四對鞭毛雙側對稱狀似梨形的原蟲。成熟的囊體 (cyst)，會隨糞

便排出體外，可在水中存活數月。人類多飲用受囊體污染的水源及食物而發病，人跟人之間也可能經由糞口接觸而傳播，感染後多無症狀，有些人會出現漸發性腹瀉，症狀可分急性或慢性、持續性或間歇性，亦可出現腹痛、嘔吐、厭食、疲倦及體重減輕等症狀，病人多數會自然痊癒，但有些會演變成慢性感染。由於 *G. lamblia* 有許多型別，在形態學上很難區分，亦缺乏其對疾病重要性的資訊。因此需建立適合的基因分型技術來區分其種類及型別，並用資料庫來分析在我國的盛行率與流行學分佈。

隱孢子蟲症 (Cryptosporidiosis) 主要由小隱孢子蟲 (*Cryptosporidium parvum*) 及人隱孢子蟲 (*Cryptosporidium hominis*) 所引起，孢子蟲經口食入，入侵小腸發育為滋養體，造成慢性腹瀉，屬世界性分佈的人畜共通傳染病。正常人感染多為自限性腹瀉，但 HIV/AIDS 患者表現多為慢性非自限性腹瀉，病程長可達數月，嚴重者可因脫水及營養不良而致病。檢查方法以傳統糞便抗酸染色及 safarin-methylene blue 染色鏡檢卵囊體，亦可以 PCR 診斷糞便中的隱孢子蟲。

弓形蟲感染症為第四類法定傳染病，而人類感染弓形蟲可區分為後天性與先天性感染。於美國有超過 6 千萬名民眾感染該疾病，先天性弓形蟲感染大多是孕婦懷孕過程中第一次感染弓形蟲，弓形蟲經由胎盤傳染給胎兒。曾有報告國外的弓形蟲感染率約是每 1000 名活產兒有 1~5 名發生感染，但受感染的嬰兒只有 20% 會出現臨床症狀。國內健康捐血者調查血液中弓形蟲抗體發現感染率大約是 10% 左右[2]。有關懷孕婦女經調查發現有 30% 的婦女感染該疾病後，產生可以保護胎兒不被感染的抗體，無保護抗體的懷孕婦女可能面對如胎兒死亡和先天畸形的可能性風險發生。是以，弓形蟲感染對於正懷孕之婦女民眾為具有威脅性之疾病之一，本計畫針對弓形蟲感染之高風險族群(如懷孕婦女、免疫缺陷疾患等)持續進行疾病監測要務，以期瞭解可能之感染途徑與族群，作為未來防疫政策擬訂與疾病相關領域之研究參考。

環孢子蟲病 (cyclosporiasis) 由環孢子蟲 (*Cyclospora cayetanensis*) 感染所引起，為人類重要新興致病原之一。於 2015 年 9 月在美國境內計 23 州爆發大規模環孢子蟲感染事件，計有 540 餘人感染造成不適症狀。該病原可經由飲水或食物等途徑傳播給人，於免疫力正常個體造成急性腹瀉，而對免疫缺損患者會引發更嚴重之病症，甚至危及生命，現已成為「旅遊者腹瀉」的重要致病原之一，並造成威脅全球人類健康的一大問題。本



計畫參考國外發表專一且敏感之先進分子生物偵測方法，藉由蒐集可疑檢體進行分析檢測，找尋如環孢子蟲等可能造成國人健康威脅之病原[3]，以降低國民感染該疾病之風險存在。

棘阿米巴感染症由棘阿米巴原蟲 (*Acanthamoeba* spp.) 感染所引起，為一種廣泛存於自然界中之自營性微生物。他們可存在於受污染的土壤、粉塵、空氣或水源等環境[4]，也曾於蔬菜、部分動物(如魚類、兩棲類、狗、猴與鳥類)、人類肺部分泌物與糞便等處發現該病原。棘阿米巴原蟲感染為罕見且嚴重之疾病，感染眼睛將造成角膜炎 (*Acanthamoeba* Keratitis)、感染腦部及脊椎造成肉牙腫性阿米巴腦 (*Acanthamoeba* Granulomatous Amebic Encephalitis, AGAE)，另外也可能經由皮膚上的傷口或鼻孔進入人體，由血流造成肺部與其他部位的感染 (Disseminated infection)。AGAE 高危險群為免疫不全或有慢性病，如器官或組織移植、類固醇或大量使用抗生素者、糖尿病、癌症、血球功能異常、肝硬化或狼瘡個案，AGAE 之症狀包含頭痛、頸部僵硬、噁心、嘔吐、意識混亂、喪失平衡感、幻覺、抽搐等，死亡率極高。而棘阿米巴角膜炎個案通常為免疫功能正常者，最常發生於配戴隱形眼鏡者，使用隱形眼鏡衛生習慣不良、配戴隱形眼鏡游泳/淋浴/泡澡、角膜損傷病史及接觸受污染的水為感染高危險群，亦值得深入調查。

福氏內格里阿米巴原蟲 (*Naegleria fowleri*) 喜好溫暖環境，能生存於溫熱環境中，在高溫下也可短暫存活。淡水湖泊及河川、溫泉水、工廠排出的溫水、飲用溫泉水、含氯量不足的游泳池水、熱水器及土壤中都可發現其蹤跡，而含鹽量較高的海水尚未有檢出案例。在消毒良好的游泳池中不易感染福氏內格里阿米巴原蟲。人類可能在自然水域活動時，將病原體吸入鼻腔，並沿著嗅覺神經進入腦部而發病 (primary amebic meningoencephalitis, PAM)[5]。該疾病潛伏期約 1 至 7 天，發病後病程進展快速，初期症狀為頭痛、發燒、噁心、嘔吐，之後出現頸部僵硬、抽搐、意識變化、譫妄、昏迷等腦炎症狀，發病後死亡率約 99%。雖然福氏內格里阿米巴原蟲感染是一種罕見的疾病，但感染後病程惡化迅速且死亡率極高，故目前亟需推行該原蟲之監測任務為要。

面對此類之新興傳染病時，除能快速偵測比對病原體、瞭解其可能的感染源、疾病的流行趨勢及協助疫情調查外，還可獲取更多生物資訊以增進對該病原的瞭解及認識，作為未來防疫政策擬訂及相關疾病研究的重要參考。

## 二、材料與方法

### (一) 建立寄生蟲感染源監測網絡：

#### 1、 檢體來源：

國內醫院病例通報收集之新鮮糞便檢體、弓形蟲陽性個案且該個案人類免疫缺乏症候群(AIDS)之血液檢體或特殊檢體來源。本年度檢體總件數預估約收集**4200 件**。

#### 2、 檢體處理及保存：

##### (1) DNA 萃取：

- i. 將檢體與 guanidine thiocyanate (GIT)溶液混合均勻，置於控溫震盪加熱器 95°C 加熱 30 分鐘。
- ii. 冷卻至室溫，置於高速離心機以 13,000 rpm 離心 3 分鐘。
- iii. 移取 250 µl 上清液至檢體槽(Sample Cartridge)。
- iv. 將檢體槽置入核酸萃取器(MagNA Pure LC)進行 DNA 萃取。
- v. 檢體 DNA 最後溶於 100 µl 萃取緩衝液(Elution Buffer)。
- vi. 移取檢體 DNA 至 1.5 mL 離心管，置於 4°C 冰箱冷藏保存。

#### 3、 弓形蟲、隱孢子蟲、痢疾阿米巴、梨形鞭毛蟲與環孢子蟲等食媒性寄生蟲之盛行率調查：

##### (1) Nested PCR 檢測系統：

<i>Giardia spp.</i>	G7	AAGCCCGACGACCTCACCCGCAGTGC
	G759	GAGGCCGCCCTGGATCTTCGAGACGAC
	GiarF	GAACGAACGAGATCGAGGTCCG
	GiarR	CTCGACGAGCTTCGTGTT
<i>Entamoeba spp.</i>	uEnta-1	AGCGAAAGCATTCTACTCA

	uEnta-2	ATTTCACCTCTTTATTCAATCG
<i>Cryptosporidium</i>	Crypto_outF	ATA GTC TCC GCT GTA TTC
	Crypto_outR	GCA GAG GAA CCA GCA TC
	Crypto_inF	TCC GCT GTA TTC TCA GCC
	Crypto_inR	GAG ATA TAT CTT GGT GCG
<i>Toxoplasma gondii</i>	Outer-F	CCTTTGAATCCCAAGCAAAACATGAG
	Outer-R	GCGAGCCAAGACATCCATTGCTGA
	Inner-F	GTGATAGTATCGAAAGGTAT
	Inner-R	ACTCTCTCTCAAATGTTCTT
<i>Cyclospora spp.</i>	CCITS2-F	GCAGTCACAGGAGGCATATATCC
	CCITS2-R	ATGAGAGACCTCACAGCCAAAC

分析核酸序列時，用 TopTaq Master Mix Kit 進行 nested PCR 反應：5  $\mu$ l template DNA，12.5  $\mu$ l TopTaq master mix，1  $\mu$ l outer forward primer，1  $\mu$ l outer reverse primer，2.5  $\mu$ l coralload concentrate 及 3  $\mu$ l RNase-free water，最終體積為 25  $\mu$ l，進行第 1 次 PCR 反應。94 $^{\circ}$ C 加熱 5 分鐘後，進行 35 個循環，每個循環為 denature 94 $^{\circ}$ C 30 秒；annealing 50 $^{\circ}$ C 30 秒以及 extension 72 $^{\circ}$ C 1 分鐘。第 2 次 PCR 反應：2  $\mu$ l template DNA，12.5  $\mu$ l TopTaq master mix，1  $\mu$ l inner forward primer，1  $\mu$ l inner reverse primer，2.5  $\mu$ l coralload concentrate 及 6  $\mu$ l RNase-free water，最終體積為 25  $\mu$ l。94 $^{\circ}$ C 加熱 5 分鐘後，進行 35 個循環，每個循環為 denature 94 $^{\circ}$ C 30 秒；annealing 54 $^{\circ}$ C 30 秒以及 extension 72 $^{\circ}$ C 1 分鐘。

(2) Real-time PCR 檢測系統：

i. 針對弓形蟲的 B1 及 RE 基因設計引子 (primer) 與探針及條件如下：

<i>Toxoplasma gondii</i> B1 gene	Toxo-B1F	GGAGGACTGGCAACCTGGTGTCG
	Toxo-B1R	TTGTTTCACCCGGACCGTTTAGCAG
	Toxo-B1 probe	YAK-CGGAAATAGAAAGCCATGAGGCACTCC
<i>Toxoplasma gondii</i> RE gene	Toxo-REF	AGGCGAGGGTGAGGATGA
	Toxo-RER	TCGTCTCGTCTGGATCGAAT

	Toxo-RE probe	YAK-GCCGGAAACATCTTCTCCCTCTCC
--	---------------	------------------------------

- ii. 針對 *Entamoeba histolytica/dispar* 基因設計引子 (primer) 與探針及條件如下：

<i>E. histolytica / dispar</i> SSU-rDNA	EntaTaq-L	GGACACATTTCAATTGTCCTA
	EntaTaq-R	CATCACAGACCTGTTATTGCTG
<i>E. histolytica/dispar</i> differentiation	EntaTaq1463H	YAK-TGTAGTTATCTAATTTTCGGTTAGACC
	EntaTaq1465D	FAM-TGTTAGTTATCTAATTTTCGATTAGAACTC

Real-time PCR 反應總體積為 25  $\mu$ l，其組成內容物分別為：5  $\mu$ l DNA template，12.5  $\mu$ l KAPA SYBR FAST qPCR master mix，6.5  $\mu$ l PCR-grade water，10mM 0.5  $\mu$ l forward primer 及 10mM 0.5  $\mu$ l reverse primer。PCR 增幅條件，先以 95 $^{\circ}$ C 反應 3 分鐘後，另以 95 $^{\circ}$ C 反應 1 分鐘、55 $^{\circ}$ C 反應 20 秒、72 $^{\circ}$ C 反應 30 秒，進行 40 次循環，並在每次循環結束後偵測螢光訊號。

- 4、弓形蟲檢測-抗體檢測部分：利用生物梅里埃(BioMerieux)出品之 Vidas<sup>®</sup> (Toxo IgM、IgG 與 IgG avidity kit 進行測定。檢體前處理：將不含有抗凝劑之血清檢體分裝於冷凍保存管，以冷凍標籤依序標示。

- (1) 實驗流程包括弓形蟲抗體檢測部分。實驗步驟如下：

將檢體放入離心機中離心 (3,000 rpm、10 min)。從冰箱試劑盒中取出一個試劑條 (strip) 及一支 SPR。取 100  $\mu$ L 檢體加入試劑條置入 biomerieux 公司出產 miniVIDAS<sup>®</sup> 機器之第一個檢體置放位置(IgG 親和力測試需進行稀釋後再測試)；選擇一個測試室狀況為「Available」可進行新檢體分析的測試室 (例如 Section A) 作為測試檢體之用，將測試室灰色門往上打開，小心平緩的沿著凹槽將試劑條推入最底部；打開 SPR 置放管外門，比照先前試劑條放置位置將 SPR 放入 SPR 置放槽內；依所放置檢體之測試室，按【Start】鍵開始工作鍵；待測試完成後，儀器會自動列印報告，顯示結果；將使用過之試藥條及 SPR 丟棄，並將報告黏貼於檢驗單上後

將報告發出。

(二) 未知或新興寄生蟲檢驗技術與檢測平台之開發：

包括即時定量 PCR 檢測系統 (real-time PCR)、multiplex PCR、恆溫式圈環形核酸增幅法(Loop-mediated Isothermal Amplification, LAMP)分生檢測等，建立可同時偵測多種病原與快速且有效率的監測方式，包括未知病原的檢測，以即時、有效達到新興傳染病監測及檢驗研究之目的。

1、建置 Real-time PCR 檢測系統：

針對特定病原進行初步篩檢，本計畫建立 real-time PCR panel，針對造成腹瀉之寄生蟲病原體進行偵測。本實驗收集已發表的報告之引子及探針序列，進行 real-time PCR 偵測。目前可偵測病原包括：*Toxoplasma gondii*、*Entamoeba histolytica*。實驗流程包括樣品核酸萃取與 real-time PCR 反應與結果分析。實驗步驟如下：

(1) 核酸純化：

將已處理之檢體，置於控溫震盪加熱器 95°C 加熱 30 分鐘。冷卻至室溫，置於高速離心機以 13,000 rpm 離心 3 分鐘，移取 250 µl 上清液至檢體槽 (Sample Cartridge)。將檢體槽置入核酸萃取器 (MagNA Pure LC) 進行 DNA 萃取。檢體 DNA 最後回溶於 100 µl 萃取緩衝液 (Elution Buffer)；移取檢體 DNA 至 1.5mL 離心管，置於 4°C 冰箱冷藏保存。

(2) Real-time PCR 反應：

Real-time PCR 反應總體積為 25 µl，其組成內容物分別為：DNA template (5 µl)，KAPA SYBR FAST qPCR master mix (12.5 µl)，PCR-grade water (6.5 µl)，forward primer (0.5 µl) 及 reverse primer (0.5 µl)。PCR 增幅條件先予以 95°C 3 分鐘後，另以 95°C 1 分鐘、55°C 20 秒、72°C 30 秒，進行 40 次反應，最後在 72°C 作用 5 分鐘。

2、建置恆溫式圈環形核酸增幅法(Loop-mediated Isothermal Amplification, LAMP)

分生檢測：

分析整理已知病原體的基因序列，尋找病原體之特有序列，利用這些序列為目標基因，設計兩對 primer，以 outer primer 與 inner primer 快速增幅目標產物，建立可快速篩檢與容易操作且有效率的檢測系統，以達到快速尋找致病原的目的。

實驗流程包括樣品核酸萃取及 LAMP PCR 反應與結果分析。實驗步驟如下：

(1) 核酸純化：

將已處理之檢體，置於控溫震盪加熱器 95°C 加熱 30 分鐘。冷卻至室溫，置於高速離心機以 13,000 rpm 離心 3 分鐘，移取 250  $\mu$ l 上清液至檢體槽 (Sample Cartridge)。將檢體槽置入核酸萃取器 (MagNA Pure LC) 進行 DNA 萃取。檢體 DNA 最後回溶於 100  $\mu$ l 萃取緩衝液 (Elution Buffer)；移取檢體 DNA 至 1.5mL 離心管，置於 4°C 冰箱冷藏保存。

(2) LAMP PCR 反應：

2  $\mu$ l DNA 與 12.5  $\mu$ l 2x Reaction Mix (RM)(Eiken Chemical Co., Ltd., Tokyo, Japan)、2  $\mu$ l FIP(20  $\mu$ M)、2  $\mu$ l BIP(20  $\mu$ M)、1  $\mu$ l LF(20  $\mu$ M)、1  $\mu$ l LB(20  $\mu$ M)、0.25  $\mu$ l F3(20  $\mu$ M)、0.25  $\mu$ l B3(20  $\mu$ M)、3  $\mu$ l Distilled Water (DW)與 1  $\mu$ l Bst DNA Polymerase (EM)混合。混合物以恆溫核酸增幅系統(Biometra)進行反應，反應條件如下：60°C~65°C 30~60 min，80°C 5 min，進行 agarose gel electrophoresis (2%)。

(三) 建立病原體防疫資料庫：

弓形蟲、隱孢子蟲、梨形鞭毛蟲與環孢子蟲等食媒性寄生蟲等蟲株型別分析與流行病學分析，將針對可鑑別以上蟲株型別之基因設計引子對，進行 PCR 及基因定序，建立演化樹分析各種寄生蟲蟲株型別的差異。

1. 弓形蟲 SAG2 locus 實驗步驟：

(1) 針對弓形蟲分型用之 5'端 SAG2 基因採用巢式 PCR(Nested PCR)方式進行檢測，其專一性引子(primer)如下：

5'SAG2 primary PCR	SAG2.F4	5'-GAC CTC GAA CAG GAA CAC-3'
	SAG2.R4	5'-GCA TCA ACA GTC TTC GTT GC-3'
5'SAG2 secondary PCR	SAG2.F	5'-GAA ATG TTT CAG GTT GCT GC-3'
	SAG2R2	5'-GCA AGA GCG AAC TTG AAC AC-3'

(2) 分析核酸序列時，用 TopTaq Master Mix Kit 進行 nested PCR 反應：2  $\mu$ l template DNA，10  $\mu$ l TopTaq master mix，1  $\mu$ l outer forward primer，1  $\mu$ l outer reverse primer，2  $\mu$ l coralload concentrate 及 4  $\mu$ l RNase-free water，最終體積為 20  $\mu$ l。進行第 1 次 PCR 反應：94°C 加熱 5 分鐘後，進行 40 個循環，每個循環為 denature 94°C 30 秒；annealing 61°C 30 秒以及 extension 72°C 1 分鐘。第 2 次 PCR 反應：1  $\mu$ l template 第一階段產物，10  $\mu$ l TopTaq master mix，1  $\mu$ l inner forward primer，1  $\mu$ l inner reverse primer，2  $\mu$ l coralload concentrate 及 5  $\mu$ l RNase-free water，最終體積為 20  $\mu$ l。94°C 加熱 5 分鐘後，進行 40 個循環，每個循環為 denature 94°C 30 秒；annealing 61°C 30 秒以及 extension 72°C 1 分鐘。

- 有關弓形蟲分型，本年度採取以限制酶 Sau3AI 進行 RFLP 方法進行[6]：經 nested PCR 產物 1  $\mu$ l，限制酶 1  $\mu$ l，限制酶專用 buffer 5  $\mu$ l，RNase-free water 3  $\mu$ l，最終體積 10  $\mu$ l，以 37°C 環境下作用 1 小時，進行 agarose gel electrophoresis (2%)。

### 三、結果：

#### (一) 建立寄生蟲感染源監測網絡：

- 寄生蟲法定傳染病部分，總檢驗數為 4,679 件，已達年度規範之 4,200 件以上，敘述如下：

(1) 弓形蟲感染症：本年度截至 10 月 31 日止，合計檢測 116 人，檢測結果如下：

- 弓形蟲即時定量 PCR 檢測：檢體種類包含血液(116 件)、CSF(2 件)、膿瘍、腦組織、羊水與玻璃體液各 1 件。1 例陽性檢體(檢體來源為腦組織)，陽性率為 0.86% (1/116)。

- 弓形蟲血清抗體：檢測 116 人中，血清綜合研判陽性 16 人，陽性率

為 13.8%(16/116)。

(2) 痢疾阿米巴部分：

i. 阿米巴原蟲即時定量 PCR 檢測：至本年 10 月 31 日止，本年合計 799 人接受即時定量 PCR 檢測(如表一)，檢體種類包含糞便、膿瘍等，陽性率 59% (471/799)，包含痢疾阿米巴與迪斯帕阿米巴(*Entamoeba histolytica*/*E. dispar*)。其中痢疾阿米巴之總陽性率為 30.7% (245/799)，非致病性迪斯帕阿米巴為 28.3%(226/799)。

ii. 外籍勞工檢體共 548 人接受痢疾阿米巴原蟲即時定量 PCR 檢測，佔整體之 68.6% (548/799)，於該族群痢疾阿米巴之陽性率為 32.3% (177/548)。(如表二)

iii. 國人共 251 人接受痢疾阿米巴原蟲即時定量 PCR 檢測，佔整體之 31.4%(251/799)，於該族群痢疾阿米巴之陽性率為 27.1%(68/251)。(如表二)

(3) 痢疾阿米巴即時定量 PCR 陽性分析：

i. 分析即時定量 PCR 陽性外籍與國人計 245 名個案(外籍：177 名、國人 68 名)後進行區域性(搭配本署各區管制中心轄區範圍)分析顯示，台北區陽性個案比例為 29.8%最多[外籍：29.4%，52/177、國人：30.9%，21/68]；以總通報人數換算亦為台北區 9.1%最高[外籍：9.5%，52/548、國人：8.4%，21/251]。

ii. 若以採取分區與國人、非國人(外籍)所佔之痢疾阿米巴即時定量 PCR 陽性比例分析如下：(如表三)

甲、外籍部分：中區送檢 98 名外籍個案，其中 40 名為痢疾阿米巴陽性率 40.8%為最高；台北區送檢 149 名，其中 52 名痢疾阿米巴陽性率 34.9%次高。

乙、國人部分：高屏區送檢 50 名國人個案，其中 19 名為痢疾阿米巴陽性率 38%為最高；東區送檢 12 名，其中 4 名痢疾阿米巴陽性率 33.3%次高。

2. 非法定傳染病傳染病之特殊寄生蟲感染監測網路：

(1) 特殊非法定傳染病寄生蟲檢測部分：



- i. 截至本年 10 月 31 日止該項目總數計 13 件，分別為：隱孢子蟲感染 1 件、血絲蟲感染 2 件、錐蟲感染 3 件、利什曼原蟲感染 3 件、棘阿米巴感染 1 件、巴貝氏蟲感染 2 件，*Balamuthia* 感染 1 件。其中檢體種類包含血液檢體最多(52.9%)、腦脊髓液檢體(17.6%)、腱鞘液(11.8%)、組織液檢體(5.9%)、糞便檢體(5.9%)與皮膚(5.9%)。
- ii. 本項目檢測除隱孢子蟲感染症 1 件檢出陽性外，其餘皆為陰性。
- iii. 非痢疾阿米巴鏡檢結果：(如表四)

痢疾阿米巴通報檢體中，本年度計有 522 人進行鏡檢檢查，除 2 人未鏡檢出腸道寄生蟲外，其餘均檢出腸道寄生蟲，經分析其中以人芽囊原蟲 (*Blastocystis hominis*)為最多，佔 34.7% (181/522)，尚有大腸阿米巴 (*Entamoeba coli*) 佔 4.2% (22/522)、哈門氏阿米巴 (*Entamoeba hartmani*) 佔 4% (21/522)、微小阿米巴 (*Endolimax nana*) 佔 3.4% (18/522)、嗜碘阿米巴 (*Iodamoeba butschlii*) 佔 1% (5/522) 與梨形鞭毛蟲 (*Giardia lamblia*) 佔 0.6% (3/522)。

(二) 未知或新興寄生蟲檢驗技術與檢測平台之開發：

1. 建置 PCR 檢測系統：(巴貝氏原蟲檢測系統建置)

- (1) 本年計畫參考 Simpson VR 等人於 2005 年發表在 Veterinary Record 之文獻，以建立巴貝氏原蟲 (*Babesia spp.*) 之巢狀 PCR(Nested PCR) 檢測系統。系統所蒐集檢體為新鮮血液檢體並經過核酸純化後，以巢式聚合酶連鎖反應增幅目標基因片段，分析特異性序列產物之有無，繼而判定巴貝氏原蟲之存在與否。(如圖一)

(2) 巴貝氏原蟲之 PCR 檢測系統使用之引子：

Category	Primer pairs (forward+reverse)
<b>BmF1</b>	5'-GCGATGTATCATTCAAGTTTCTG-3'
<b>BmR1</b>	5'-TGTTATTGCCTTACACTTCCTTGC-3'
<b>BmF2</b>	5'-ACGGCTACCACATCTAAGGAAGGC-3'
<b>BmR2</b>	5'-TCTCTCAAGGTGCTGAAGGA-3'

(3) 巴貝氏原蟲之 PCR 檢測系統試劑成分與反應條件：

分析核酸序列時，利用 TopTaq Master Mix Kit 進行 nested PCR 反應：

5  $\mu$ l template DNA, 12.5  $\mu$ l TopTaq master mix, 1  $\mu$ l outer forward primer, 1  $\mu$ l outer reverse primer, 2.5  $\mu$ l coralload concentrate 及 3  $\mu$ l RNase-free water, 最終體積為 25  $\mu$ l, 進行第 1 次 PCR 反應。94°C 加熱 5 分鐘後, 進行 35 個循環, 每個循環為 denature 94°C 30 秒; annealing 55°C 30 秒以及 extension 72°C 1 分鐘。第 2 次 PCR 反應: 2  $\mu$ l template DNA, 12.5  $\mu$ l TopTaq master mix, 1  $\mu$ l inner forward primer, 1  $\mu$ l inner reverse primer, 2.5  $\mu$ l coralload concentrate 及 6  $\mu$ l RNase-free water, 最終體積為 25  $\mu$ l。94°C 加熱 5 分鐘後, 進行 35 個循環, 每個循環為 denature 94°C 30 秒; annealing 55°C 30 秒以及 extension 72°C 1 分鐘。

2. 建置恆溫式環形核酸增幅法:

本年度嘗試針對弓形蟲 RE gene 建置恆溫式環形核酸增幅法(LAMP)[7], 實驗步驟與結果如:

- (1) 2  $\mu$ l DNA 與 12.5  $\mu$ l 2x Reaction Mix (RM)(Eiken Chemical Co., Ltd., Tokyo, Japan)、2  $\mu$ l FIP(20  $\mu$  M)、2  $\mu$ l BIP(20  $\mu$  M)、1  $\mu$ l LF(20  $\mu$  M)、1  $\mu$ l LB(20  $\mu$  M)、0.25  $\mu$ l F3(20  $\mu$  M)、0.25  $\mu$ l B3(20  $\mu$  M)、3  $\mu$ l Distilled Water (DW)與 1  $\mu$ l Bst DNA Polymerase (EM)混合。混合物以恆溫核酸增幅系統(Biometra)進行反應, 反應條件如下: 60°C ~65°C 30~60 min, 80°C 5 min, 進行 agarose gel electrophoresis (2%)。
- (2) 弓形蟲建置恆溫式環形核酸增幅法引子如下:

Category	Primer pairs (forward+reverse)
<b>BIP</b>	5'-TGGTTGGGAAGCGACGAGAGTTCCAG GAAAAGCAGCCAAG-3'
<b>FIP</b>	5'-TCCTCACCTCGCCTTCATCTAGGACTA CAGACGCGATGC-3'
<b>LF</b>	5'-TCCAAGACGGCTGGAGGAG-3'
<b>LB</b>	5'-CGGAGAGGGAGAAGATGTTTCC-3'
<b>F3</b>	5'-CCACAGAAGGGACAGAAGTC-3'
<b>B3</b>	5'-TCCGGTGTCTCTTTTTCCAC-3'

- (3) 結果: 本次實驗使用之 DNA template 為今年獲的之弓形蟲陽性確診

個案，經跑膠後與陰性對照比較，檢體產物落點於 200~220 bp，與預期目標產物(202bp)相近。結果與弓形蟲 B1 gene 檢測結果相符合。(如圖二)

(三) 建立病原體防疫資料庫：

1. 隱孢子蟲屬(*Cryptosporidium parvum/hominis*)於去年檢體蒐集之陽性檢體與標準株序列比對後進行分型，所使用序列比對軟體：MEGA7.0，參數設定 0.2 Scale length。得知分型結果計有：C. parvum IIa、C. hominis Id 與 C. hominis Ib 三型。本年度隱孢子蟲陽性檢體 1 件，經分型比對後得知型別為 C. hominis Ib。(如表五)
2. 弓形蟲蟲株型別區分方法結果：
  - (1) 本計畫弓形蟲部分計針對弓形蟲陽性個案且該個案為免疫缺乏症候群(AIDS)之血液檢體進行檢測，因本年度蒐集 1 名陽性檢體個案為器官移植病患並非感染該疾病，本計畫仍進行分析。(年初自它實驗室移轉一弓形蟲陽性確診檢體 DNA，一併進行分析，故本年度分析抗原型別計 2 個)。
  - (2) 針對 B1 gene 以 nested PCR 方法進行檢測，2 檢體均有目標產物產生，與資料庫比對工具(BLAST，Basic Local Alignment Search Tool) *T.gondii* 相似度為 99% 以上。(如圖三)
  - (3) 針對 SAG2 gene 以 nested PCR 方法進行檢測結果：2 檢體中有 1 檢體產出預期產物，經定序與 *T.gondii* 相似度為 99% 以上。另一檢體無產出。(如圖四)
  - (4) 以限制酶 *Sau3AI* 進行 RFLP 方法檢測，弓形蟲 genotype 為 Type I 或 Type II，並非 Type III。(如圖五)

四、討論：

寄生蟲感染源監測網路之法定傳染病監測結果：因弓形蟲為貓科動物寄生蟲，人類並非主要宿主，主要食入受汙染的食物所感染。故當蟲體進入體內後，較不容易第一時間引起宿主臨床症狀且大部分感染者無明顯臨床症狀，導致患者無就醫之意願，推測可能為弓形蟲蟲株抗原陽性率較低之因素。然而弓形蟲抗體陽性率(急性期)，依參考歷

年資料無明顯起伏。有關阿米巴部分，因台北區管制中心轄區內之人口數最多，陽性個案數最高是可以預期的，但值得注意的是各區管制中心之送檢數統計陽性率，外籍部分中區管制中心轄區陽性率為最高，推論可能之情形為中區外籍移工人數眾多，醫療院所先進行移工檢體初篩後，如為疑似病例再行通報本單位確認導致此情形發生，然而國人部分高屏區、中區管制中心轄區(東區送檢數太少無法具體說明)內阿米巴痢疾送檢陽性率較台北區管制中心高，較和預期不相同。係值得日後探討之處。

本年度開發之特殊寄生蟲檢驗方法符合預期結果，俟將實驗步驟再進行微調，使預期之目標產物更為明顯。有關弓形蟲檢體陽性後進行分型部分，本年之陽性檢體基因型為 type I 或 II (非 type III)，因人類感染弓形蟲較常見為 type II，符合本年度預期的結果。然而今年弓形蟲陽性目標基因與確認方法為 RE gene- real time PCR、B1 gene-Nested PCR，均確認今年 2 例檢體陽性，其中 1 例以分型 gene -SAGE2 無法產出目標產物，推測可能專一引子對於該病患檢體 SAGE2 gene 區間無法黏合，導致目標產物無法產出。

## 五、結論與建議：

藉由本研究計畫結論與建議如下：

### (一) 寄生蟲感染源監測網路：法定傳染病監測結果：

1. 弓形蟲部分：弓形蟲蟲株檢驗結果陽性率為 0.86%；弓形蟲血清綜合研判陽性率為 13.8%。
2. 痢疾阿米巴部分：
  - (1) 痢疾阿米巴檢驗結果陽性率為 30.7%，若區分族群(國人與外籍)，陽性率分別為 27.1%與 32.3%(國人與外籍)。
  - (2) 痢疾阿米巴陽性分區比例：台北區陽性個案數最多，所佔之陽性比例最高(29.8%)，如採計算總通報人數之陽性比例亦為台北區最高(9.1%)
  - (3) 採計分區送檢與族群類別(國人、非國人-外籍)進行分析，有關外籍送檢陽性比率中區為最高(40.8%)，台北區次之(34.9%)；國人送檢陽性為高屏區最高(38.0%)，東區次之(33.3%)。

(二) 未知或新興寄生蟲檢驗技術與平台之開發結論：

1. 建立巴貝氏原蟲檢驗技術：採用之方法為巢式 PCR(Nested PCR)，已初步開發完成，目前持續提供醫療院所檢驗需求且驗證中。
2. 建置弓形蟲恆溫式環形核酸增幅技術：採用之方法為恆溫式環形核酸增幅法 (LAMP)，已初步開發完成，可提供即時且快速檢測弓形蟲存在與否之檢驗參考，目前持續驗證中。

(三) 建立病原體防疫資料庫：

1. 弓形蟲分型部分：本年度 2 例檢體經由弓形蟲蟲株特異 B1 基因確認為陽性，經分型之 SAG2 基因有 1 例產物無法產出，另 1 例區分出為第 I 或 II 型。
2. 隱孢子蟲屬(*Cryptosporidium parvum/hominis*)分型部分：本年度 1 例陽性為 *C.hominis*，經分型屬 *C. hominis* Ib。

(四) 建議：寄生蟲感染症目前仍為被忽略熱帶疾病(NTD)之其中一部分，極有可能成為防疫上之死角。藉由執行本計畫可持續監測法定傳染病與針對特殊寄生蟲病原檢驗方法進行開發，建議日後持續進行長期監測，發掘潛在感染風險地區與感染源，以利即時提供公共衛生防疫手段導入與日後防疫政策制定參考。

六、重要研究成果及具體建議：

藉由本計畫執行，可獲得：

- (一) 法定傳染病之陽性率與地區分布情形，弓形蟲部分血清綜合研判陽性率與歷年相近；有關痢疾阿米巴部分：外籍送檢陽性率最高落於中區管制中心轄區內，推測可能為中區外籍移工人口數眾多，經醫院端初步篩檢後送本署確認之機率較高所導致；然而，國人送檢陽性率最高則在高屏區管制中心轄區內(東區雖陽性次高，但檢體數過少，無法客觀判定)，第三高落於中區，建議值得深入探討原因為何。整體而言，因台北區管制中心轄區因陽性個案最多，如以送檢總數來觀察後陽性率最高。
- (二) 持續驗證與開發特殊寄生蟲檢驗方法，以符合未來醫療院所或公衛防治需求。
- (三) 持續蒐集隱孢子蟲後進行分型，另一方面弓形蟲以 SAG2 gene 進行分型可得檢體

可能是第 I、II 型(非第 III 型)；有一個檢體無法產出目標產物，推測可能為引子無法專一接合檢體序列或是檢體品質不良導致，將持續蒐集檢體進行分析後統計。

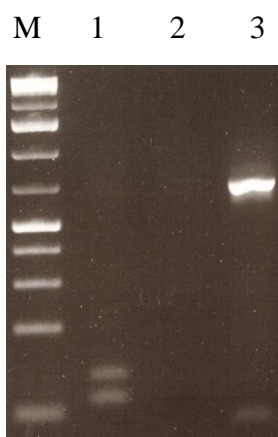
綜合本年度研究成果，可探究有關罹病人口之地區分布，惟外籍移工之國籍統計囿於無法從送驗單獲得相關資訊，須跨組室蒐集資料始能完成，建議來年如執行監測計畫時，可嘗試與相關組室進行洽詢，以獲得更加完整之資料進行分析。

## 七、參考文獻

1. Mackey TK and Liang BA. Lessons from SARS and H1N1/A: employing a WHO-WTO forum to promote optimal economic-public health pandemic response. *Journal of public health policy* 2012;33:119-30.
2. Domingos A, Ito LS, Coelho E, et al. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* IgG antibody in HIV/AIDS-infected individuals in Maputo, Mozambique. *Revista de saude publica* 2013;47:890-6.
3. Chacin-Bonilla L. Epidemiology of *Cyclospora cayetanensis*: A review focusing in endemic areas. *Acta tropica* 2010;115:181-93.
4. Stehr-Green JK, Bailey TM, and Visvesvara GS. The epidemiology of *Acanthamoeba keratitis* in the United States. *American journal of ophthalmology* 1989;107:331-6.
5. Budge PJ, Lazensky B, Van Zile KW, et al. Primary amebic meningoencephalitis in Florida: a case report and epidemiological review of Florida cases. *Journal of environmental health* 2013;75:26-31.
6. Armand, B., Solhjoo, K., Kordshooli, M. S., Davami, M. H., Pourahmad, M., & Orfaee, V. (2017). *Toxoplasma gondii* Type I, predominant genotype isolated from sheep in South of Iran. *Vet World*, 10(4), 386-392. doi:10.14202/vetworld.2017.386-392
7. Fallahi, S., Mazar, Z. A., Ghasemian, M., & Haghighi, A. (2015). Challenging loop-mediated isothermal amplification (LAMP) technique for molecular detection of *Toxoplasma gondii*. *Asian Pac J Trop Med*, 8(5), 366-372. doi:10.1016/S1995-7645(14)60345-X

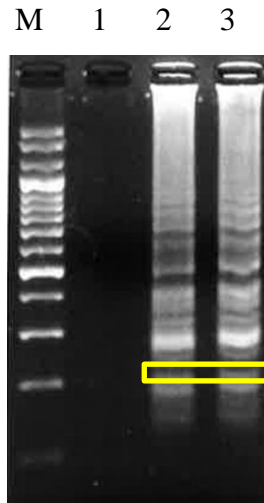
## 八、圖表：

圖一：巴貝氏原蟲之 PCR 反應結果



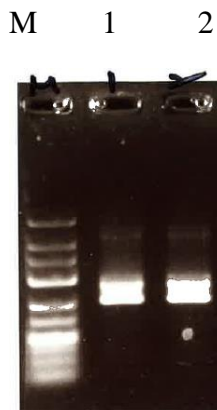
說明：Lane M：100 b.p. Marker；Lane 1 是臨床檢體、Lane 2 是 no template control、Lane 3 是 positive control。

圖二：弓形蟲恆溫式環形核酸增幅法：



說明：Lane M：100 b.p. Marker；Lane 1 是 negative control、Lane 2 是 positive control CSF 檢體、Lane 3 是 positive control Brain 檢體。(檢體均有目標產物 202bp 出現)

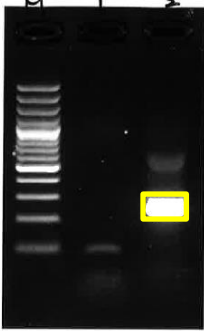
圖三：針對弓形蟲 B1 gene 檢測結果



說明：Lane M：100 b.p. Marker；Lane 1、2 是臨床弓形蟲檢體，均檢出弓形蟲蟲株 B1 gene 存在

圖四：針對 SAG2 gene 進行弓形蟲分型檢測結果

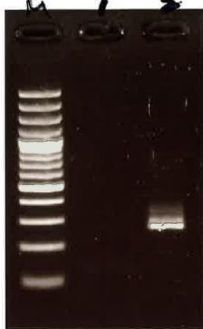
M 1 2



說明：Lane M：100 b.p. Marker；Lane 1、2 是臨床弓形蟲檢體，於編號 2 檢出弓形蟲分型 SAG2 gene 產物落於 241bp

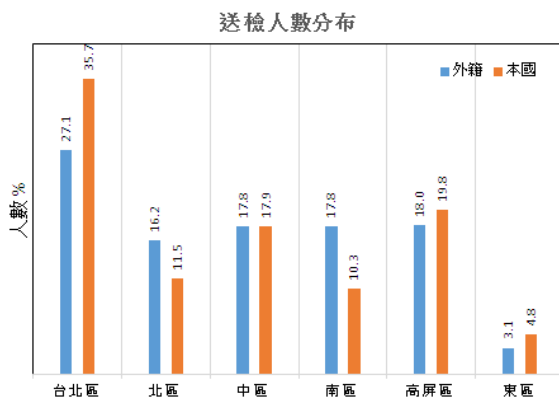
圖五：以限制酶 Sau3AI 進行分型實驗結果

M 1 2



說明：弓形蟲 genotype I、II 經限制酶切割後，產物落於約 250bp，而 genotype III 之產物落於約 210bp，故推知臨床檢體編號 2 為 genotype I、II

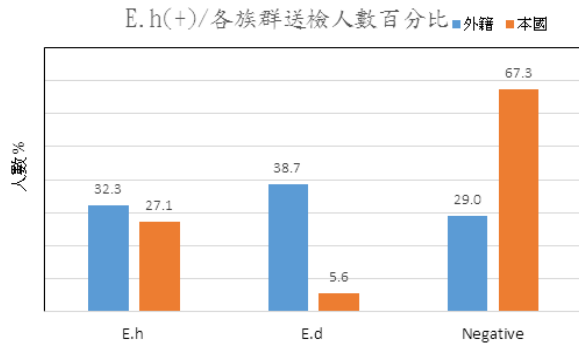
表一：痢疾阿米巴送檢人數百分比





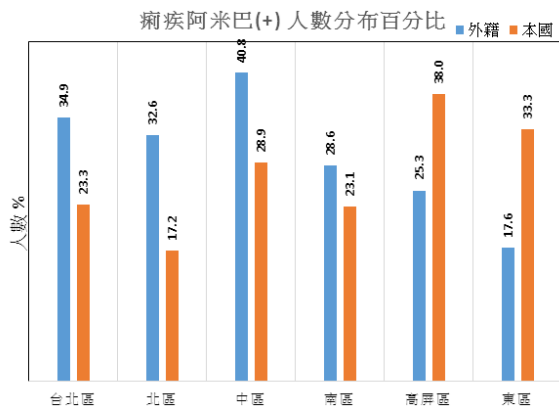
說明：由送檢人數百分比可知，台北區管制中心轄區內不論為外籍或本國送檢數量比例最多(外籍 27.1%、本國 35.7%)

表二：痢疾阿米巴陽性於各族群送檢數百分比



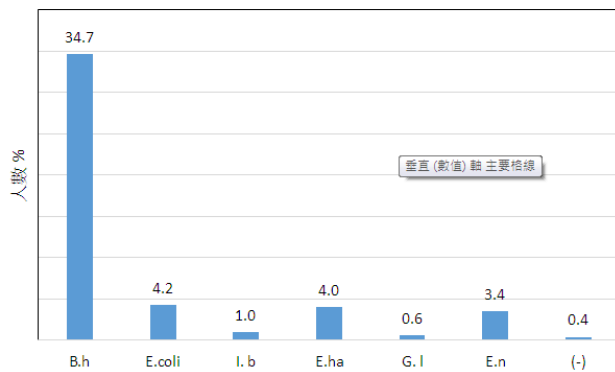
說明：由各族群(本國、外籍)送檢數之痢疾阿米巴陽性可知：外籍陽性比率 32.3%、本國陽性比率為 27.1%

表三：以各分區管制中心轄下送檢之痢疾阿米巴陽性百分比



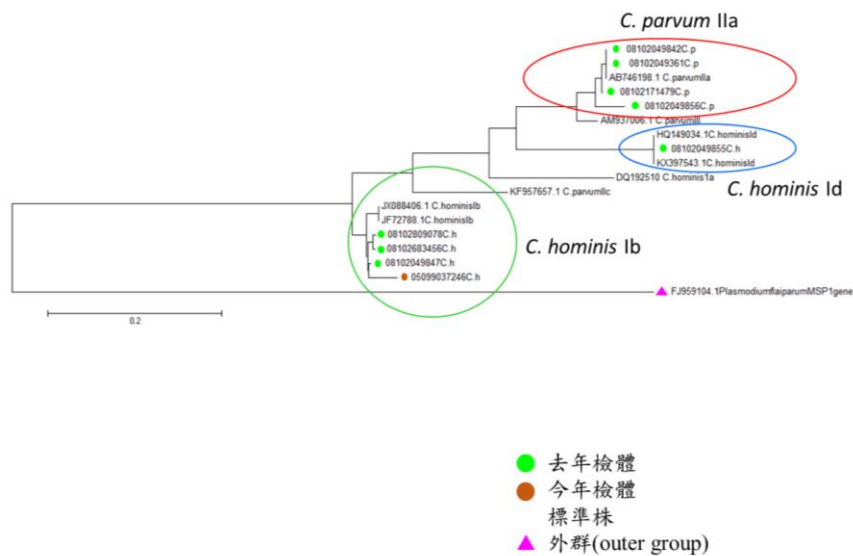
說明：以各分區管制中心轄下送檢人數之痢疾阿米巴陽性百分比可知：外籍部分中區送檢陽性率最高(40.8%)，台北區次之(34.9%)。本國部分高屏區送檢陽性率最高(38%)，東區(33.3%)次高，第三高為中區管制中心(28.9%)。

表四：非痢疾阿米巴鏡檢結果百分比



說明：非痢疾阿米巴鏡檢結果百分比顯示人芽囊原蟲(*B.hominis*)鏡檢檢出率最多，大腸阿米巴(*E.coli*)與哈式阿米巴(*E.hartmani*)次之。

表五：本年度隱孢子蟲基因樹狀圖表



說明：本年度蒐集到之隱孢子蟲經基因樹狀圖分析後得知型別屬 *C.hominis* Ib

**衛生福利部疾病管制署委託科技研究計畫**  
**106 年度計畫重要研究成果及具體建議**

(本資料須另附乙份於成果報告中)

計畫名稱：特殊寄生蟲感染之檢驗及監測

主持人：李淑英

計畫編號：MOHW106-CDC-C-315-000104

1.計畫之新發現或新發明

(1) 寄生蟲感染源監測網路：法定傳染病監測結果：

- i. 弓形蟲部分：弓形蟲蟲株檢驗結果陽性率為 0.86%；弓形蟲血清綜合研判陽性率為 13.8%。
- ii. 痢疾阿米巴部分：痢疾阿米巴檢驗結果陽性率為 30.7%，若區分族群(國人與外籍)，陽性率分別為 27.1%與 32.3%(國人與外籍)。
  - 甲、痢疾阿米巴陽性分區比例：台北區陽性個案數最多，所佔之陽性比例最高(29.8%)，如採計算總通報人數之陽性比例亦為台北區最高(9.1%)。
  - 乙、採計分區送檢與族群類別(國人、非國人-外籍)進行分析，有關外籍送檢陽性比率中區為最高(40.8%)，台北區次之(34.9%)；國人送檢陽性為高屏區最高(38.0%)，東區次之(33.3%)。

(2) 未知或新興寄生蟲檢驗技術與平台之開發：

- i. 建立巴貝氏原蟲檢驗技術：採用之方法為巢式 PCR(Nested PCR)，已初步開發完成，目前持續提供醫療院所檢驗需求且驗證中。
- ii. 建置弓形蟲恆溫式環形核酸增幅技術：採用之方法為恆溫式環形核酸增幅法(LAMP)，已初步開發完成，可提供即時且快速檢測弓形蟲存在與否之檢驗參考。

(3) 建立病原體防疫資料庫：

- i. 弓形蟲分型部分：本年度 2 例檢體經由弓形蟲蟲株特異 B1 基因確認為陽性，經分型之 SAG2 基因有 1 例產物無法產出，另 1 例區分出為第 I 或 II 型。
- ii. 隱孢子蟲屬(*Cryptosporidium parvum/hominis*)分型部分：本年度 1 例陽性為 *C.hominis*，經分型屬 *C. hominis* Ib。

2.計畫對民眾具教育宣導之成果

藉由本計畫之執行，可使民眾獲得對於法定寄生蟲感染症的流行趨勢與地區分布，避免疾病感染的風險。

### 3.計畫對醫藥衛生政策之具體建議

寄生蟲感染源監測網路之法定傳染病監測：因弓形蟲為貓科動物寄生蟲，人類並非主要宿主，主要食入受汙染的食物所感染。故當蟲體進入體內後，較不容易第一時間引起宿主臨床症狀且大部分感染者無明顯臨床症狀，導致患者無就醫之意願，推測可能為弓形蟲蟲株抗原陽性率較低之因素。然而弓形蟲抗體陽性率(急性期)，依參考歷年資料無明顯起伏。有關阿米巴部分，因台北區管制中心轄區內之人口數最多，陽性個案數最高是可以預期的，但值得注意的是各區管制中心之送檢數統計陽性率，外籍部分中區管制中心轄區陽性率為最高，推論可能之情形為中區外籍移工人數眾多，醫療院所先進行移工檢體初篩後，如為疑似病例再行通報本單位確認導致此情形發生，然而國人部分高屏區、中區管制中心轄區(東區送檢數太少無法具體說明)內阿米巴痢疾送檢陽性率較台北區管制中心高，較和預期不相同。係值得日後探討之處。

## 疾病管制署 106 年度科技研究計畫期末報告審查意見回復表

計畫編號：MOHW106-CDC-C-315-000104

計畫名稱：特殊寄生蟲感染之檢驗及監測

計畫單位：疾病管制署檢驗中心

計畫主持人：李淑英

審查意見	意見回復	報告修正內容 (頁數)
可增加國內其他臨床研究之寄生蟲 Lab 合作。	謝謝委員意見，將於來年研究計畫納入參考。	無
Amoeba 及 Toxoplasma 有較多的成果，尤其在外籍移工，應配合公共衛生介入。深入分析通報個案之臨床及流病資料，有必要。	謝謝委員意見，將於來年研究計畫納入參考。	無
針對痢疾阿米巴，建議本國籍與外國籍分別看其年齡、性別、居住地、職業或共病史等，以釐清其流病特徵、感染源或群聚相關，期有助於防疫或衛教之族群之介入與鎖定。	謝謝委員意見，針對痢疾阿米巴，本年度針對國籍部分與居住地等進行分析，亦有初步成果；有關其餘要項，將於來年研究計畫嘗試進行分析。	無

相關流病資訊之蒐集，可考量與權責組一起合作或討論可行方式。	謝謝委員意見，將於來年研究計畫納入參考。	無
-------------------------------	----------------------	---