



HAL
open science

Conservation du Rhinopithèque de Biet (*Rhinopithecus bieti*) et tourisme animalier : quels enjeux ?

Patrick Giraudoux, Ève Afonso, Céline Clauzel, Cécile Callou, Li Li

► To cite this version:

Patrick Giraudoux, Ève Afonso, Céline Clauzel, Cécile Callou, Li Li. Conservation du Rhinopithèque de Biet (*Rhinopithecus bieti*) et tourisme animalier : quels enjeux ?. Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France, 2024, epub, pp.1-16. 10.3406/bavf.024.71106 . hal-04757966v1

HAL Id: hal-04757966

<https://hal.science/hal-04757966v1>

Submitted on 29 Oct 2024 (v1), last revised 1 Nov 2024 (v2)

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

CONSERVATION DU RHINOPITHÈQUE DE BIET (*RHINOPITHECUS BIETI*) ET TOURISME ANIMALIER : QUELS ENJEUX ?

CONSERVATION OF THE BLACK-AND-WHITE SNUB-NOSED (*RHINOPITHECUS BIETI*) MONKEY AND WILDLIFE TOURISM: WHAT ARE THE ISSUES?

黑白仰鼻猴的保护与野生动物旅游：面临的问题是什么？

Patrick GIRAUDOUX¹ , Ève AFONSO² , Céline CLAUZEL³ , Cécile CALLOU⁴  et Li LI⁵ 

Communication présentée le 6 juin 2024, manuscrit soumis le 26 juin 2024, version révisée soumise le 19 septembre 2024, acceptée le 19 septembre 2024

RÉSUMÉ

Le rhinopithèque de Biet (*Rhinopithecus bieti*) vit dans des montagnes difficilement accessibles du Yunnan et du Tibet jusqu'à 4 200 m d'altitude. Depuis sa découverte à la science par des français au 19^e siècle, la biologie et l'écologie de cette espèce sont restées virtuellement inconnues pendant près de 70 ans. Endémique, elle subsiste entre le haut cours du fleuve Yangtsé et le Haut-Mékong, en 15 groupes plus ou moins isolés, mais il existe probablement encore d'autres groupes non recensés, qu'il s'agisse de reliques ou de reconquêtes. La conservation du rhinopithèque de Biet implique de faire connaître l'espèce au grand public pour assurer un intérêt à sa protection. Un certain nombre de questions se posent sur l'histoire de son isolement, la connexion entre les populations et les conséquences comportementales et sanitaires occasionnées par le nourrissage destiné à rendre son observation possible aux touristes. Nous présentons ici l'histoire et les principaux résultats des recherches conduites sur cette espèce emblématique.

Mots-clés : tourisme de la faune sauvage, Une seule santé, isolement, génétique des populations, amibes

ABSTRACT

The black-and-white snub-nosed monkey (*Rhinopithecus bieti*) lives in difficult-to-access mountains up to 4,200 m in altitude in Yunnan and Tibet. Its biology and ecology have remained virtually unknown for almost 70 years since it was discovered to science by the French in the 19th century. The species, which is endemic, survives between the upper reaches of the Yangtze River and the Upper Mekong, in 15 more or less isolated groups, but there are probably still other groups that have not been recorded, whether they are relics or reconquests. The conservation of the black-and-white snub-nosed monkey involves making the species known to the general public in order to ensure interest in its protection. A number of questions arise about the history of this isolation, the connection between populations and the behavioural and health consequences of feeding them in order to make their observation possible for tourists. We present here the history and main results of research carried out on this emblematic species.

Keywords: wildlife tourism, One Health, isolation, population genetics, amoeba

1- Professeur émérite d'écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : patrick.giraudoux@univ-fcomte.fr

2- Maître de conférences en écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : eve.afonso@univ-fcomte.fr

3- Professeur de géographie, UMR LADYSS, Université Paris 1 Panthéon Sorbonne. Courriel : celine.clauzel@univ-paris1.fr

4- Professeur chargée de collection, UMR AASPE, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris. Courriel : cecile.callou@mnhn.fr

5- Professeur d'écologie, LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : lilyzsu@126.com



摘要

黑白仰鼻猴生活在云南和西藏海拔高达4200米的难以到达的山脉中，自19世纪由法国人发现以来，其生物学和生态学在近70年的时间里几乎无人知晓。这种特有物种在长江上游和湄公河上游之间生存，分布于15个或多或少孤立的群体中，但可能仍然有未记录的群体，无论是遗存还是重新发现。黑白仰鼻猴的保护涉及向公众普及这种物种，以确保提升大家的保护意识，同时提出了一系列关于这种隔离的历史、种群间的联系以及为使游客能够观察到它们而进行喂养行为后的健康后果的问题。我们在此介绍这一标志性物种的研究历史和主要成果。

关键词: 野生动物旅游、一体化健康、隔离、种群遗传学、阿米巴原虫

INTRODUCTION

Enrayer la chute de la biodiversité constitue un des défis majeurs de ce siècle. La population humaine a quadruplé en moins d'un siècle jusqu'à atteindre près de 8 milliards actuellement et, dans le même temps, elle a multiplié ses besoins individuels (PIB/habitant) par plus de 13 en moyenne. La chute de la biodiversité est une des conséquences de cette croissance démographique à cause de l'action combinée (1) de la destruction des habitats, (2) de la surexploitation des populations animales et végétales qui les composent, (3) des changements climatiques, (4) des pollutions (agricoles, industrielles, domestiques, etc.) et (5) de la propagation anthropique d'espèces invasives (IPBES 2019). La réponse efficace à ce défi qui touche directement, à terme, l'habitabilité de la terre par les humains, dépend en grande partie de l'acceptation sociale d'un effort pour la protection des espèces menacées et de leurs habitats. Elle suppose donc que les populations humaines soient sensibilisées et se sentent concernées par les conséquences néfastes de cette chute, aux niveaux mondial et national pour promouvoir des lois et actions générales pertinentes et penser l'intérêt commun à l'échelle de l'humanité et au niveau local pour assurer la protection effective de ces espèces menacées. La sensibilisation des populations peut passer par divers canaux, dont les documentaires animaliers et les films. Mais s'ils mobilisent et entretiennent la prise de conscience, ils créent aussi le goût et le besoin d'une approche physique de la faune sauvage, et donc une demande de visibilité dans le monde réel d'espèces sauvages élusives, considérées comme rares ou spectaculaires, par une population locale ou qui a les moyens de se déplacer. La gamme de réponses à cette demande va des zoos ou des centres de réhabilitation, où les animaux sont captifs, aux aires protégées où les animaux sont libres mais souvent difficilement observables, ou encore aux couloirs de migration où les passages et rassemblements peuvent être observés à certaines saisons, librement ou avec l'appui de guides spécialisés. Entre captivité et vie libre s'est développé aussi l'entretien de points de nourrissage ou de points d'eau artificiels, où des touristes peuvent facilement observer des espèces d'intérêt à courte distance. Cette pratique est répandue partout dans le monde, pour certaines espèces de primates notamment et par exemple en Chine, pays qui est en charge de la protection de plusieurs espèces endémiques.

Le rhinopithèque de Biet, *Rhinopithecus bieti* (Milne-Edwards 1897) (滇金丝猴, Diān Jīnsīhóu en mandarin) appartient à ces espèces emblématiques (Figure 1). Il fait partie des 25 espèces de primates les plus menacées au monde et est classée « en danger » par l'IUCN (International Union for Conservation of Nature). Ce Colobiné a un régime alimentaire folivore, composé essentiellement de lichens chevelus (*Bryoria*, *Usnea*, etc.). Comme toutes les espèces de cette sous-famille, elle est dotée d'un pré-es-tomac qui permet la fermentation des aliments, fonctionnellement analogue à celui des ruminants. L'espèce est génétiquement adaptée à la haute altitude, sa distribution s'étendant de 1 800 à 4 600 m d'altitude (mais principalement au-dessus de 2 500 m), entre le Haut Mékong (Láncáng Jiāng 澜沧江) et le Haut Yangtsé (Jinshà Jiāng 金沙江). Cela fait de lui, avec le Gélada, *Theropithecus gelada* (Rüppell 1835), en Afrique, un des deux primates non-humains vivant aux altitudes les plus élevées au monde. Le rhinopithèque de Biet semble avoir sélectionné notamment un grand nombre de gènes liés à la réparation de l'ADN, aux processus de phosphorylation oxydative et à l'angiogenèse, ce qui suggère une adaptation à une exposition accrue aux rayonnements ultraviolets (UV) et au métabolisme énergétique en atmosphère pauvre en oxygène (Kuang et al. 2023). L'espèce a également adopté des patterns comportementaux adaptatifs originaux, contre-intuitifs, lui faisant par exemple rechercher les zones d'altitude plus froides mais plus ensoleillées en hiver (4 100 - 4 400 m), après des chutes de neige, car la neige y fond plus vite et la nourriture y est exposée à l'air libre plus rapidement, bien que la température y soit moins élevée que dans les zones qu'elle occupe pendant les autres saisons (3 500 - 4 500 m) (Quan et al. 2011). Une quinzaine de groupes plus ou moins isolés, totalisant entre 2 000 et 3 000 individus, vivent dans les forêts sempervirentes de haute altitude dans le nord-ouest du Yunnan et le sud-est du Tibet, sur une aire s'étendant sur plus de 300 km de montagnes pouvant dépasser 4 000 m d'altitude. Il existe probablement encore d'autres groupes non recensés, qu'il s'agisse de reliques ou de reconquêtes, comme le montrent des découvertes récentes dans le sud de son aire de distribution historique (Wang et al. 2019).



Bull. Acad. Vét. France — 2024

<http://www.academie-veterinaire-defrance.org/>



Cet article est publié sous licence creative commons CC-BY-NC-ND 4.0

CONSERVATION DU RHINOPITHÈQUE DE BIET (*RHINOPITHECUS BIETI*) ET TOURISME ANIMALIER : QUELS ENJEUX ?

CONSERVATION OF THE BLACK-AND-WHITE SNUB-NOSED (*RHINOPITHECUS BIETI*) MONKEY AND WILDLIFE TOURISM: WHAT ARE THE ISSUES?

黑白仰鼻猴的保护与野生动物旅游：面临的问题是什么？

Patrick GIRAUDOUX¹ , Ève AFONSO² , Céline CLAUZEL³ , Cécile CALLOU⁴  et Li LI⁵ 

Communication présentée le 6 juin 2024, manuscrit soumis le 26 juin 2024, version révisée soumise le 19 septembre 2024, acceptée le 19 septembre 2024

RÉSUMÉ

Le rhinopithèque de Biet (*Rhinopithecus bieti*) vit dans des montagnes difficilement accessibles du Yunnan et du Tibet jusqu'à 4 200 m d'altitude. Depuis sa découverte à la science par des français au 19^e siècle, la biologie et l'écologie de cette espèce sont restées virtuellement inconnues pendant près de 70 ans. Endémique, elle subsiste entre le haut cours du fleuve Yangtsé et le Haut-Mékong, en 15 groupes plus ou moins isolés, mais il existe probablement encore d'autres groupes non recensés, qu'il s'agisse de reliques ou de reconquêtes. La conservation du rhinopithèque de Biet implique de faire connaître l'espèce au grand public pour assurer un intérêt à sa protection. Un certain nombre de questions se posent sur l'histoire de son isolement, la connexion entre les populations et les conséquences comportementales et sanitaires occasionnées par le nourrissage destiné à rendre son observation possible aux touristes. Nous présentons ici l'histoire et les principaux résultats des recherches conduites sur cette espèce emblématique.

Mots-clés : tourisme de la faune sauvage, Une seule santé, isolement, génétique des populations, amibes

ABSTRACT

The black-and-white snub-nosed monkey (*Rhinopithecus bieti*) lives in difficult-to-access mountains up to 4,200 m in altitude in Yunnan and Tibet. Its biology and ecology have remained virtually unknown for almost 70 years since it was discovered to science by the French in the 19th century. The species, which is endemic, survives between the upper reaches of the Yangtze River and the Upper Mekong, in 15 more or less isolated groups, but there are probably still other groups that have not been recorded, whether they are relics or reconquests. The conservation of the black-and-white snub-nosed monkey involves making the species known to the general public in order to ensure interest in its protection. A number of questions arise about the history of this isolation, the connection between populations and the behavioural and health consequences of feeding them in order to make their observation possible for tourists. We present here the history and main results of research carried out on this emblematic species.

Keywords: wildlife tourism, One Health, isolation, population genetics, amoeba

1- Professeur émérite d'écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : patrick.giraudoux@univ-fcomte.fr

2- Maître de conférences en écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : eve.afonso@univ-fcomte.fr

3- Professeur de géographie, UMR LADYSS, Université Paris 1 Panthéon Sorbonne. Courriel : celine.clauzel@univ-paris1.fr

4- Professeur chargée de collection, UMR AASPE, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris. Courriel : cecile.callou@mnhn.fr

5- Professeur d'écologie, LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : lilyzsu@126.com



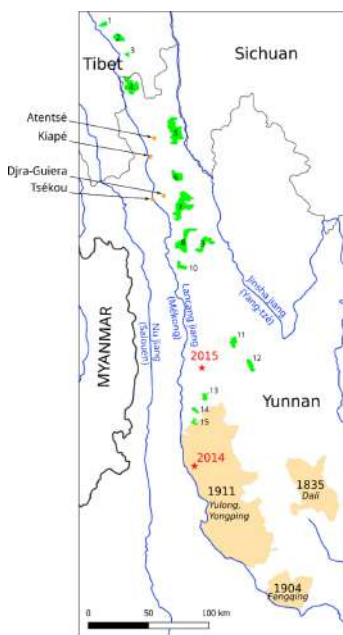


Figure 1 : À gauche : jeune rhinopithèque de Biet prenant sa nourriture favorite, les lichens ; au centre : arbres couverts des lichens chevelus ; à droite : forêt sempervérente d'altitude (3 000-3 700 m) des Laojun Shan, en novembre 2015, typique de l'habitat optimal du rhinopithèque de Biet (© Giraudoux).

Le présent article a pour but de présenter les principaux résultats des travaux de recherche effectués par notre équipe sur l'écologie de cette espèce, par ailleurs détaillés dans Afonso *et al.* (2022). Il s'est agi de déterminer l'origine géographique la plus exacte possible de l'holotype et des paratypes¹ de l'espèce dont le MNHN (Muséum National d'Histoire Naturelle) a la charge, de chercher quels corridors d'habitat pourraient être prioritairement reconstitués pour reconnecter les populations isolées et, enfin, de mesurer les effets des points de nourrissage sur la population de XiangGuQing (响古箐), près de Tacheng (塔城) dans le Yunnan.

RÉSOLUTION DE L'ÉNIGME DE LA LOCALISATION GÉOGRAPHIQUE DES HOLOTYPES ET PARATYPES DE L'ESPÈCE

Le rhinopithèque de Biet a été porté à connaissance de la science au 19^e siècle par Jean-André Soulié, un prêtre des Missions étrangères de Paris installé à « Tsékou » (maintenant nommé Cigu, 茨姑) du 8 décembre 1894 au 20 juillet 1896. Une fois les spécimens expédiés au MNHN à Paris, la diagnose a été réalisée par Alphonse Milne-Edwards en 1897. Le socle de l'holotype montre que l'espèce devait être initialement nommée *Rhinopithecus souliei*, mais le nom a été biffé au profit de Félix Biet, l'évêque de l'époque, basé à Kangding et supérieur hiérarchique de Jean-André Soulié. S'ensuivirent près de 70 ans d'absence d'étude scientifique, les 15 groupes connus actuellement n'ayant été inventoriés qu'à partir de la fin des années 1970 par des chercheurs et naturalistes chinois (pour une histoire complète, voir Afonso *et al.* 2022). Les techniques de biologie moléculaire permettent maintenant de valoriser les ADN anciens, souvent dégradés, des spécimens de collections muséologiques, par exemple en précisant leur origine géographique ou en déterminant leurs possibles liens de parentés. Un des premiers travaux a consisté à prélever des fragments de pulpe dentaire des spécimens déposés au MNHN et à amplifier leur ADN, notamment un certain nombre de micro-satellites. Même si l'on retrouve une structure générale dans laquelle les échantillons modernes et les spécimens peuvent être classés en deux grandes lignées d'ADN mitochondrial, on observe chez plusieurs d'entre eux des haplotypes² qui n'ont pas été rapportés dans la littérature, suggérant leur rareté, voire leur absence, dans la population actuelle. Ces différences de diversité se retrouvent également, à une autre échelle, sur l'ADN nucléaire (Afonso *et al.* non publié).



Se posait alors la question de la localisation géographique précise des spécimens en vue de comparer leur signature génétique à celle de leurs homologues contemporains présents dans la même région. Pour ce faire, le matériel disponible était les inscriptions sur les socles, les catalogues des collections repris par Rode (1938) dans ses catalogues des spécimens types, et quelques biographies de missionnaires. La principale difficulté, qu'il a fallu trois ans pour surmonter, fut que les noms de l'époque étaient des transcriptions non-standard du lisou, langue du groupe ethnique tibéto-birman majoritaire localement, ou du mandarin, noms qui eux-mêmes pouvaient avoir changé depuis le 19^e siècle. La Figure 2 montre les localisations des spécimens du MNHN qui ont pu être établies, et la distribution passée et actuelle des différents groupes de rhinopithèques de Biet. Les spécimens du MNHN sont donc très clairement à apparenter aux actuels groupes 5, 6 et 7.

Figure 2 : Répartition historique et actuelle du rhinopithèque de Biet. Les plages beige correspondent aux comtés où l'espèce a disparu, avec la date des observations référencées dans les documents anciens (Li *et al.* 2002). Les zones vertes correspondent aux 15 groupes modernes connus (Wong *et al.* 2013) et les étoiles rouges aux découvertes récentes de petits groupes inconnus auparavant, avec l'année de leur découverte (Wang *et al.* 2019). Les cercles oranges pointés par des flèches, à l'exception de Tsékou, maintenant nommé Cigu (茨姑, 98.9°E, 28°N), lieu de résidence de Jean-André Soulié, sont les sites mentionnés près desquels les holotypes et les paratypes de l'espèce ont été capturés, probablement en 1895, et dont la diagnose a été effectuée plus tard au Muséum National d'Histoire Naturelle, à Paris (Milne-Edwards 1897 ; Rode 1938).

1- Un holotype est le spécimen de référence attaché à un nom scientifique à partir duquel une espèce a été décrite ; un paratype est un spécimen cité dans la description mais qui n'est pas l'holotype.

2- Un haplotype est un groupe d'allèles de différents loci situés sur un même chromosome et habituellement transmis ensemble.



VERS UNE RECONNEXION DES GROUPES ISOLÉS

Le genre rhinopithèque était largement répandu dans toute l'Asie au cours du Pléistocène. La levée du plateau tibétain et la séparation de grandes régions par les trois fleuves majeurs (Salouen, Mékong et Yangtsé) a entraîné un bouquet de spéciations à partir d'une espèce originelle il y a 1-2 millions d'années³. Cependant, les changements environnementaux survenus au cours de l'Holocène, notamment les glaciations, ont entraîné une fragmentation de l'habitat qui a conduit à une réduction de la taille des populations de rhinopithèques de Biet, particulièrement accélérée ensuite par l'expansion de la population humaine et de l'agriculture au cours des 400 dernières années. Il en résulte que le rhinopithèque de Biet est, parmi les primates, l'espèce qui présente de très loin la plus faible l'hétérozygotie (Kuang et al. 2023). De plus, Liu et al. (2009) ont montré que seulement 4,9 % de la distance génétique entre les groupes de rhinopithèques de Biet s'expliquait par la distance géographique, alors que 36,2 % s'expliquait par une perte de connectivité d'habitat, qui résulte principalement des activités humaines telles que la conversion des forêts naturelles en terres agricoles, les autoroutes et les établissements humains. Notre groupe de recherche s'est donc attaché à calculer quels sont les corridors détruits, notamment par l'expansion de l'agriculture, dont la reconstitution aurait le plus grand effet sur les échanges entre groupes. Après une première étude basée sur une carte d'habitat à partir de laquelle les chemins de moindre coût entre les groupes furent établis (Li et al. 2014), une approche basée sur la théorie des graphes et l'utilisation du logiciel Graphab (Foltête et al. 2021) a permis de modéliser les chemins dont la reconstitution pourrait augmenter de façon significative la connectivité globale du réseau (Clauzel et al. 2015 ; Li et al. 2017). En bref, à partir de graphes basés sur une cartographie des habitats optimaux et les potentialités estimées de déplacement des singes, des scénarios furent testés où des habitats optimaux étaient ajoutés à deux échelles pour en mesurer l'effet sur la connectivité globale du réseau, permettant *in fine* de déterminer où une modification d'habitat avait le plus de chance d'avoir un effet important sur les échanges entre groupes (Figure 3).

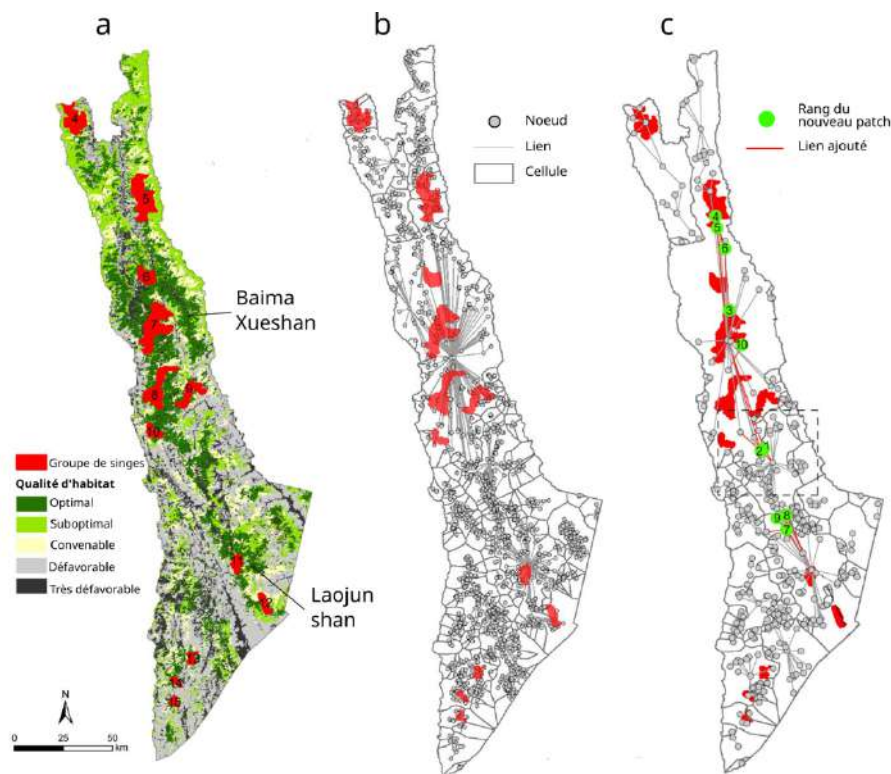


Figure 3 : Zone d'étude et modèles de connectivité, d'après Li et al. (2017).

a : localisation des groupes de singes et qualité des habitats dans la province du Yunnan ;

b : exemple de graphe modélisant le réseau : les nœuds ont été définis comme des taches d'habitat optimal et les liens ont été seuillés à la distance de dispersion moyenne des singes en habitat favorable ; les cellules sont les ensembles d'habitats connectés par les déplacements quotidiens des singes, compte-tenu de la « perméabilité » des habitats pour l'espèce ;

c : localisation des dix « meilleures » zones agricoles (patch) qui, réhabilitées, maximiseraient la connectivité globale du réseau : leur rang va du plus grand au plus petit gain de connectivité.

3- *R. strykeri* à l'ouest de la Salouen, *R. bieti* entre Mékong et Yangtsé, *R. roxellana* à l'est du Yangtsé.



LE GROUPE NOURRI DE XIANGGUQING

Le groupe 9, dans la partie sud de la réserve nationale naturelle des Baima Xueshan, compte un nombre d'individus estimé entre 300 et 400, répartis sur une aire d'environ 83 km² entre 2 500 et 4 000 m d'altitude (Figure 2). À partir de 2008, à quelques centaines de mètres du village de XiangGuQing (latitude 27.638°N, longitude 99.367°E), une cinquantaine d'entre eux ont été habitués à être nourris devant les touristes, dans le cadre de programmes d'éducation pour la conservation de l'espèce. Les singes, qui peuvent se déplacer librement et échanger avec le reste de la population, sont appelés chaque matin à l'aide d'un sifflet et, devant les touristes présents, nourris des lichens qui composent la majeure partie de l'alimentation usuelle de l'espèce. Les singes sont séparés des touristes par une corde, et il leur est interdit de les nourrir par eux-mêmes (Figure 4). De plus, les gardes repoussent vigoureusement les singes quand ils s'approchent au-delà de la limite matérialisée par la corde. Enfin, les points de nourrissage sont déplacés tous les deux ou trois jours de quelques centaines de mètres, afin de simuler les déplacements naturels effectués pour trouver de la nourriture.



Figure 4 : Groupe de touristes observant le nourrissage des rhinopithèques de Biet. La flèche rouge pointe la corde (verte) qu'il est interdit de dépasser.

Nos investigations ont été basées sur une méthode non-invasive : l'analyse de l'ADN que contiennent les fèces, avec pour but de déterminer si le nourrissage d'animaux circulant librement avait des conséquences sur la structure génétique de la population et sur la circulation des agents pathogènes. Pour des raisons de commodité technique, les agents pathogènes étudiés furent les amibes.

L'ADN fut extrait des 91 fèces collectées, à la fois dans l'aire de nourrissage et dans l'aire éloignée où vivent les individus « sauvages » (non-nourris), puis caractérisé par 10 marqueurs microsattellites (Afonso *et al.* 2021b). Quatre-vingt-quatre d'entre les fèces aboutirent à un génotypage cohérent. Elles correspondaient à 74 individus, dont 44 attribuées à des animaux nourris et 30 à des animaux sauvages de par leur localisation. Des méthodes statistiques bayésiennes, sans *a priori* sur la distribution des fréquences alléliques, furent utilisées. Il est alors apparu que le groupe 9 était structuré en deux clusters génétiques dont les fréquences alléliques différaient. Pour chaque individu, nous disposons de la probabilité qu'il appartienne à l'un ou l'autre des deux clusters : la majorité des individus identifiés comme nourris selon les observations de terrain appartenaient à un cluster, et les individus identifiés comme sauvages appartenaient à l'autre cluster (Figure 5). Selon le seuil d'assignation choisi, un nombre variable d'individus n'appartenait à aucun des deux clusters, ce qui pouvait suggérer la possibilité de profils génétiques issus d'un brassage génétique entre les deux clusters.

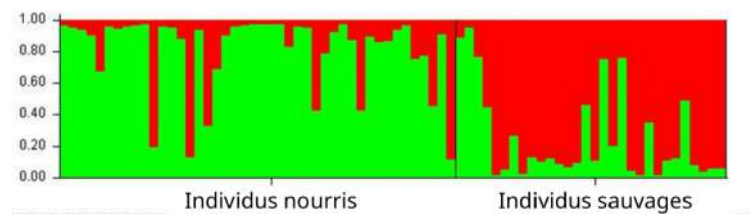


Figure 5 : Comparaison de la structure génétique des individus nourris et sauvages issue du logiciel STRUCTURE. En abscisse, chaque barre représente un individu ; la probabilité que l'individu appartienne à un cluster génétique est représentée en ordonnée, rouge pour « sauvage », vert pour « nourri ». Les attributions sont majoritairement congruentes entre l'attribution génétique et l'observation sur le terrain.



La différenciation génétique entre les sous-groupes nourri et sauvage était surprenante : bien que modérée, elle était plus élevée que celle observée entre des sous-populations distantes de plusieurs dizaines de kilomètres. L'intervention humaine pour créer le sous-groupe nourri semblait donc agir plus fortement que la distance géographique et/ou la fragmentation de l'habitat. De plus, plusieurs marqueurs d'hétérozygotie indiquaient une perte de diversité génétique dans le sous-groupe nourri (richesse allélique plus faible, excès d'homozygotie, coefficient d'apparement supérieur (Figure 6) (Afonso et al. 2021b).

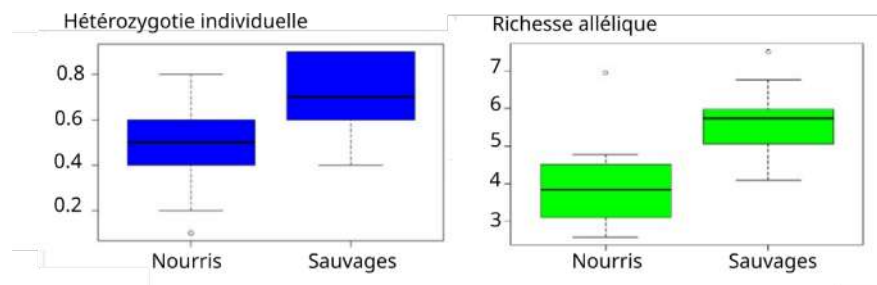


Figure 6 : Comparaison des marqueurs de diversité génétique entre individus nourris et sauvages.

Les sites de nourrissage étant situés à quelques centaines de mètres du village de XiangGuQing, ils se localisent aussi dans la zone de pacage des bovins et des porcs élevés par les habitants (Figure 7). Nous avons montré que les porcs consommaient les excréments de rhinopithèques (Fu et al. 2018). Du fait de leur emplacement, les sites de nourrissage sont donc un relais potentiel de transmission d'agents pathogènes entre le village et les montagnes alentours.



Figure 7 : Bovins et porcs paissant à proximité des zones de nourrissage.

Nous nous sommes intéressés à la circulation d'amibes du genre *Entamoeba*. Ces parasites colonisent les voies digestives des hôtes et passe par une phase libre dans le milieu extérieur avant d'infecter un nouvel hôte. Nous avons utilisé des méthodes moléculaires basées sur l'amplification d'une région de l'ADN commune à toutes les espèces d'*Entamoeba*, le gène *18S rDNA*, et sur le séquençage massif des ADN ainsi amplifiés dans chaque échantillon positif, pour cribler les espèces contenues dans les fèces sans *a priori*. Nous avons recherché les amibes chez les singes dans les mêmes fèces que celles utilisées pour étudier leur diversité génétique. La prévalence amibienne était élevée dans le sous-groupe nourri (89 % des individus avaient au moins une séquence d'ADN d'*Entamoeba* dans leurs fèces) et significativement plus élevée que dans le sous-groupe sauvage (33 %). Partant de ce constat, nous avons réalisé un échantillonnage systématique des fèces de bovins, chiens, porcs et poules dans deux latrines humaines dans le village de XiangGuQing et sur les sites de nourrissage des rhinopithèques.

Tous hôtes confondus, nous avons détecté 13 séquences d'ADN différentes (Operational Taxonomic Unit, OTU) qui pouvaient toutes être assignées à une espèce ou une lignée d'*Entamoeba* (Figure 8). En outre, plus un individu était localisé à proximité de la faune domestique et plus le risque de retrouver le parasite dans ses fèces étaient élevées (Figure 9).



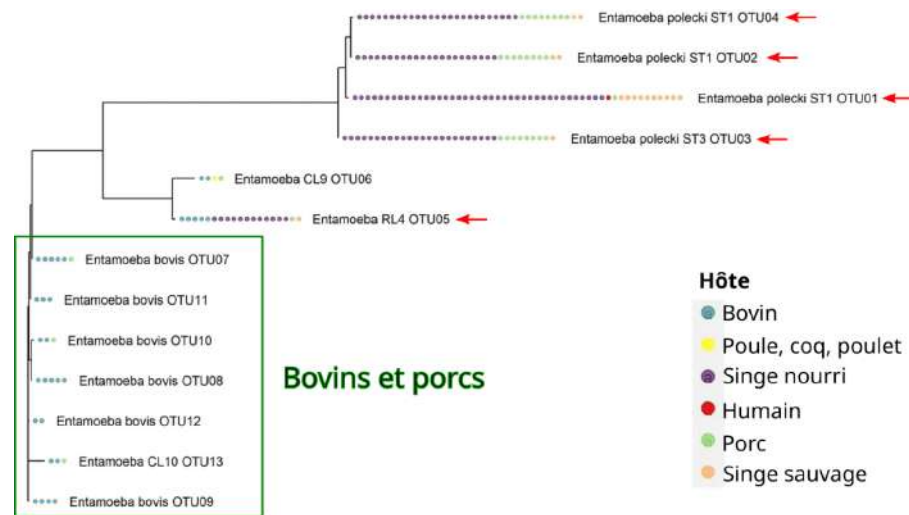


Figure 8 : Spectre d'hôtes et nombre de fèces positives pour les 13 OTUs d'Entamoeba amplifiées dans 65 des 115 échantillons fécaux. Les flèches rouges surmarquent les OTUs trouvées chez les singes, toutes partagées avec une ou plusieurs espèces d'animaux domestiques. Entamoeba bovis n'a pas été détecté chez les singes, au contraire d'Entamoeba polecki et de deux OTUs non encore décrites à ce jour (CL9 et RL4).

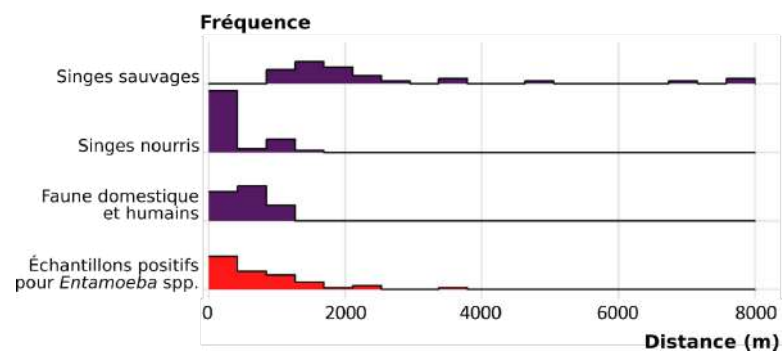


Figure 9 : Localisation des fèces collectées pour différentes catégories d'hôtes et des échantillons dans lesquels l'ADN d'Entamoeba a été détecté (positifs pour Entamoeba spp.) en fonction de la distance au centroïde de la zone où humains et faune domestique sont localisés.

Enfin, nous avons pu montrer que plus l'hétérozygotie des individus était élevée, plus était faible la probabilité qu'ils soient infectés (Figure 10).

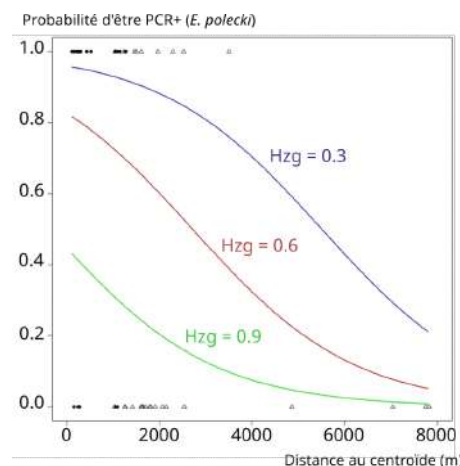


Figure 10 : Modèle binomial de la prévalence d'E. polecki en fonction du degré d'hétérozygotie (Hzg) et de la distance au centroïde de la zone où les fèces d'animaux domestiques ont été collectées, d'après Afonso et al. (2021a).

Les triangles noirs correspondent aux échantillons de fèces des individus nourris, les triangles blancs à ceux des individus sauvages. PCR : Polymerase Chain Reaction



CONCLUSIONS

Comparé à la gestion du nourrissage en d'autres lieux et pour d'autres espèces, les précautions prises à XiangGuQing sont exemplaires. Le nombre journalier de touristes reste faible (quelques dizaines à plus d'une centaine pendant les périodes de grande affluence) car il est limité par une inscription préalable obligatoire. En comparaison, d'autres sites voient circuler et interagir avec les singes, sans grand contrôle, des milliers, voire des dizaines de milliers de touristes quotidiennement, par exemple pour l'observation du rhinopithèque de Roxellane dans certaines réserves, ou du macaque tibétain ou rhésus près de certains temples.

Le contact direct entre touristes et singes est découragé à XiangGuQing par la matérialisation d'une frontière (corde) à ne pas dépasser, le nourrissage par les touristes et autres interactions sont interdits, et les gardiens sont très vigilants à ce que les règles soient respectées, tant par les humains que par les singes. Le temps d'observation journalier au moment du nourrissage n'excède pas une heure à une heure et demie, sans interactions, à la suite de laquelle les touristes sont invités à quitter le point de nourrissage. Les singes retournent alors dans les arbres et se déplacent totalement librement pendant le reste de la journée et la nuit, loin des visiteurs, dans un espace qui n'est limité par aucune barrière. Enfin, les points de nourrissage sont déplacés de quelques centaines de mètres tous les deux ou trois jours.

Les études présentées ici montrent cependant, malgré ces précautions, l'ambivalence de la situation créée par le nourrissage des rhinopithèques à des fins de tourisme animalier. Probablement par une sorte d'effet de fondation et par le petit effectif du sous-groupe nourri, celui-ci se trouve clairement en déficit d'hétérozygotie, pour une espèce qui elle-même est une de celles présentant l'hétérozygotie la plus faible parmi les primates. Des simulations réalisées à partir de modèles introduisant de nouveaux individus dans le groupe montrent que ce type de translocation, qui ne serait pas sans poser des questions éthiques, techniques et d'acceptation des nouveaux individus, ne permettrait pas de rétablir durablement la diversité génétique du sous-groupe nourri (Afonso *et al.* 2021b).

Par ailleurs, la superposition des zones où pâit le bétail et des sites de nourrissage renforce la circulation d'agents pathogènes dans le système, ici plusieurs espèces d'amibes dont la pathogénicité est inconnue. Il serait certainement judicieux d'étendre ce genre d'étude systémique à d'autres organismes potentiellement pathogènes (virus, bactéries, helminthes, autres protozoaires, etc.). Cette circulation pourrait certainement être limitée en séparant les zones de pacage des zones de nourrissage. Mais une telle séparation poserait d'énormes problèmes de partage de l'espace entre les éleveurs qui exploitent ces pâtures et les gestionnaires et gardiens du groupe de singes, même si eux-mêmes sont des autochtones lisous habitant le village (et pour certains aussi paysans et éleveurs).

Ces inconvénients sont cependant à mettre en balance avec les bénéfices socio-économiques que le tourisme animalier représente pour la communauté locale. Ils sont indispensables pour que celle-ci coexiste sans conflit avec cette espèce animale menacée, pour laquelle chaque individu compte. Le tourisme animalier à XiangGuQing apporte suffisamment de ressources financières pour que les gardes (dont certains parmi les plus anciens sont des trappeurs reconvertis) assurent une surveillance qui limite le braconnage. Un centre accueillant les individus blessés a également été créé et accueille tous les ans plusieurs individus qui sont ensuite relâchés. La création d'un sous-groupe nourri est certainement le prix à payer pour permettre d'améliorer les conditions de vie des communautés locales et de financer des programmes de recherche et de sensibilisation à la conservation de cette espèce, qui est maintenant une des grandes causes nationales en Chine. Elle permet aussi à un nombre significatif de visiteurs d'être sensibilisés non seulement à la préservation de l'espèce, mais aussi à celle des écosystèmes d'altitude uniques qu'elle habite, dont la nature et les changements saisonniers sont d'une beauté à couper le souffle.

Les bénéfices pour l'espèce dans son ensemble dépassent donc très certainement les coûts supportés par la cinquantaine d'individus « fixés » et nourris parmi le groupe 9, dont l'effectif total est estimé entre 300 et 400 individus.

RÉFÉRENCES

- Afonso E, Callou C, Clauzel C, Giraudoux P, Li L. Conservation du rhinopithèque de Biet. In : Giraudoux P, éditeur. Socio-écosystèmes [Internet]. Londres : ISTE - Sciences ; 2022. p. 225-58.
- Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goydadin A-C, Yu Z, Callou C, *et al.* Feeding sites promoting wildlife-related tourism might highly expose the endangered Yunnan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus bieti*) to parasite transmission. *Sci Rep.* 2021a; 11(1) : 15817. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95166-5>
- Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goydadin A-C, Yu Z, Li D, *et al.* Creating small food-habituated groups might alter genetic diversity in the endangered Yunnan snub-nosed monkey. *Global Ecology and Conservation.* 2021b ; 26 : e01422. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01422>
- Clauzel C, Xiqing D, Gongsheng W, Giraudoux P, Li L. Assessing the impact of road developments on connectivity across multiple scales: Application to Yunnan snub-nosed monkey conservation. *Biological Conservation.* 2015 ; 192 : 207-17. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2015.09.029>
- Foltête J-C, Vuidel G, Savary P, Clauzel C, Sahraoui Y, Gi-



rardet X, *et al.* Graphab: An application for modeling and managing ecological habitat networks. *Software Impacts*. 2021 ; 8 : 100065. <https://doi.org/10.1016/j.simpa.2021.100065>

- Fu R, Li L, Afonso E, Yu ZH, Giraudoux P. Spatial and temporal distribution of Yunnan snub-nosed monkey, *Rhinopithecus bieti*, indices. *Mammalia*. 2018 ; 83(2) : epub. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2017-0168>
- Kuang W, Zinner D, Li Y, Yao X, Roos C, Yu L. Recent Advances in Genetics and Genomics of Snub-Nosed Monkeys (*Rhinopithecus*) and Their Implications for Phylogeny, Conservation, and Adaptation. *Genes*. 2023 ; 14(5) : 985. <https://doi.org/10.3390/genes14050985>
- Li B, Pan R, C.E. O. Extinction of snub-nosed monkeys in china during the past 400 years. *Internat Journal of primatology*. 2002 ; 23(6) : 1227-44.
- Li L, Xue Y, Wu G, Li D, Giraudoux P. Potential habitat corridors and restoration areas for the black-and-white snub-nosed monkey *Rhinopithecus bieti* in Yunnan, China. *Oryx*. 2014 ; 49(4) : 719-26. <https://doi.org/10.1017/s0030605313001397>
- Li W, Clauzel C, Dai Y, Wu G, Giraudoux P, Li L. Improving landscape connectivity for the Yunnan snub-nosed monkey through cropland reforestation using graph theory. *Journal for Nature Conservation*. 2017 ; 38 : 46-55. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2017.06.002>
- Liu ZJ, Ren BP, Wu RD, Zhao L, Hao YL, Wang BS, *et al.*

The effect of landscape features on population genetic structure in Yunnan snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) implies an anthropogenic genetic discontinuity. *Molecular Ecology*. 2009 ; 18(18) : 3831-46.

<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04330.x>

- Milne-Edwards MA. Note sur une nouvelle espèce du genre *Rhinopithecus* provenant de la Haute Vallée du Mékong. *Bull Mus Hist Nat Paris*. 1897 ; 5 : 156-60.
- Quan RC, Ren GP, Behm JE, Wang L, Huang Y, Long YC, *et al.* Why Does *Rhinopithecus bieti* Prefer the Highest Elevation Range in Winter? A Test of the Sunshine Hypothesis. *Plos One* [Internet]. 2011 ; 6(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024449>
- Rode P. Catalogue des types de mammifères du Museum National d'Histoire Naturelle. Ordre des Primates, sous-ordre des Simiens. Vol. I. Paris : Museum National d'Histoire Naturelle ; 1938.
- Wang H, Xu H, Li Y, Xu Z, Ding W, Xiao W, *et al.* New distribution records for the endangered black-and-white snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) in Yunnan, China. *fozo*. 2019 ; 68(2) : 79-85. <https://doi.org/10.25225/fozo.069.2019>
- Wong MHG, Li RQ, Xu M, Long YC. An integrative approach to assessing the potential impacts of climate change on the Yunnan snub-nosed monkey. *Biological Conservation*. 2013 ; 158 : 401-9. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.08.030>



黑白仰鼻猴的保护与野生动物旅游：面临的问题是什么？

作者 Patrick GIRAUDOUX¹ , Ève AFONSO² , Céline CLAUZEL³ , Cécile CALLOU⁴  et 李丽⁵ 

摘要

黑白仰鼻猴生活在云南和西藏海拔高达4200米的偏远山脉中，自19世纪被法国人发现以来，其生物学和生态学在近70年内几乎无人问津。这一特有物种生存于长江上游和湄公河上游之间，分布在15个或多或少孤立的群体中，且可能仍有未记录的群体存在，无论是残存的还是重新发现的。黑白仰鼻猴的保护工作不仅涉及提升公众对该物种的认知与保护意识，还提出了一系列关于种群隔离历史、群体间联系及游客喂养行为对健康后果的影响的问题。本文旨在介绍这一标志性物种的研究历程及主要成果。

关键词：野生动物旅游、一体化健康、隔离、种群遗传学、阿米巴原虫

摘要：

黑白仰鼻猴生活在云南和西藏海拔高达4200米的偏远山脉中，自19世纪被法国人发现以来，其生物学和生态学在近70年内几乎无人问津。这一特有物种生存于长江上游和湄公河上游之间，分布在15个或多或少孤立的群体中，且可能仍有未记录的群体存在，无论是残存的还是重新发现的。黑白仰鼻猴的保护工作不仅涉及提升公众对该物种的认知与保护意识，还提出了一系列关于种群隔离历史、群体间联系及游客喂养行为对健康后果的影响的问题。本文旨在介绍这一标志性物种的研究历程及主要成果。

关键词：野生动物旅游、一体化健康、隔离、种群遗传学、阿米巴原虫

引言

遏制生物多样性下降是本世纪最重要的挑战之一。不到一个世纪的时间里，全球人口增长了四倍，达到近80亿，同时人均需求（以人均GDP衡量）增加了13倍以上。生物多样性下降是人口增长的结果之一，其主要原因包括：(1) 栖息地破坏，(2) 动植物种群的过度开发，(3) 气候变化，(4) 污染（包括农业、工业和生活污染），以及(5) 人为引入的入侵物种（IPBES 2019）。应对这一直接关系到地球宜居性的挑战，很大程度上取决于社会对保护濒危物种及其栖息地努力的认可和接受。这意味着需要在全世界和国家层面提升公众对生物多样性下降带来负面影响的认识，推动相关法律和行动的制定，并确保在地方层面对这些物种的有效保护。提高公众意识可以通过多种途径实现，例如动物纪录片和电影。这些纪录片和电影不仅能唤起并保持公众的环保意识，还能激发人们对野生动物的兴趣，进而促使人们在现实世界中珍稀或重要的野生动物产生观赏需求。对此需求的回应形式多种多样，从动物园或救护中心（圈养动物）到自然保护区（动物自由活动，但通常难以观察），或迁徙走廊（在特定季节可以自由观察，或在专业导游的帮助下观察）。在圈养和野外自由生活之间，还发展出了一些喂养点或人工水源点，游客可以在这些地方近距离观察感兴趣的物种。这种做法在全球范围内广泛存在，尤其在某些灵长类动物的保护中更为常见，如中国特有的滇金丝猴（*Rhinopithecus bieti*）。

1- Professeur émérite d'écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : patrick.giraudoux@univ-fcomte.fr

2- Maître de conférences en écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : eve.afonso@univ-fcomte.fr

3- Professeur de géographie, UMR LADYSS, Université Paris 1 Panthéon Sorbonne. Courriel : celine.clauzel@univ-paris1.fr

4- Professeur chargée de collection, UMR AASPE, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris. Courriel : cecile.callou@mnhn.fr

5- Professeur d'écologie, LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : lilyzsu@126.com





图1. 左：年轻的滇金丝猴及其最喜欢的地衣食物；中：覆盖地衣的树木，这是滇金丝猴的食物来源；右：2015年11月的老君山常绿高山森林（3000-3700米），这是滇金丝猴的最佳栖息地。

本文旨在介绍我们研究团队在滇金丝猴生态学方面的主要研究成果，详细内容见Afonso等人（2022）。研究的目的是确定该物种模式标本的最准确地理来源，探讨优先重建哪些栖息地走廊以重新连接孤立的种群，并评估在云南塔城（响古箐）附近对游客开放的喂养点对种群的影响。

滇金丝猴是中国特有的标志性物种之一（见图1），也是全球25种最濒危的灵长类动物之一，被国际自然保护联盟（IUCN）列为“濒危”物种。这种以叶为主食的猴子主要以地衣为食，如鬃状地衣和梅衣等。与该亚科的其他物种类似，滇金丝猴在前胃中进行发酵，消化功能与反刍动物相似。在基因层面，滇金丝猴展现出对高海拔环境的适应能力。其分布区域位于湄公河上游（澜沧江）和长江上游（金沙江）之间的海拔1800至4600米的范围内（主要分布在2500米以上）。滇金丝猴与非洲的髯狨（*Theropithecus gelada*）共同成为世界上生活在最高海拔的非人类灵长类动物。研究表明，滇金丝猴特别选择了一些与DNA修复、氧化磷酸化过程和血管生成相关的基因，表明其已适应紫外线辐射增强和稀薄氧气环境下的能量代谢（Kuang等，2023）。此外，滇金丝猴还表现出一些适应性的行为模式，例如在冬季选择较冷但阳光充足的高海拔地区（4100-4400米），这些地区的积雪融化得更快，食物更早暴露出来，尽管这些区域的温度低于其他季节的栖息地（3500-4500米）（Quan等，2011）。滇金丝猴主要分布在云南西北部和西藏东南部的常绿高山森林中，约有15个相对孤立的群体，总数量在2000至3000只之间，分布范围超过300公里的山脉，海拔超过4000米。可能仍有未记录的群体，无论是遗存的还是重新发现的，如最近在其历史分布范围南部发现的群体（Wang等，2019）。

解开模式标本地理定位之谜

滇金丝猴（*Rhinopithecus bieti*）最早由法国传教士Jean-André Soulié于19世纪引入科学界。Soulié在“Tsékou”（今名茨古）生活期间，于1894年12月8日至1896年7月20日间收集了滇金丝猴的标本，并寄往巴黎国家自然历史博物馆（MNHN），该物种由Alphonse Milne-Edwards于1897年进行分类描述。最初，这一物种应命名为*Rhinopithecus souliei*，但后来改为*Rhinopithecus bieti*，以纪念当时的主教Félix Biet，这是Soulié的上级。自那以后，科学界对滇金丝猴的关注几乎停止，直到20世纪70年代末，中国研究人员开始重新调查15个已知的群体。分子生物学技术现已使我们能够利用博物馆收藏的标本古DNA，通过放大其DNA片段（如微卫星）确定标本的地理来源或可能的亲缘关系。我们首先从MNHN标本的牙髓中提取DNA，并放大了一些微卫星标记。尽管现代样本和标本可分为两个主要的线粒体DNA谱系，但多个标本中的单倍型在文献中未见报道，表明其稀有，甚至在现有种群中可能已消失。这种多样性差异在核DNA中也有所体现（Afonso等，未发表）。

因此，我们需要精确定位这些标本的地理位置，以将其遗传特征与现代种群进行比较。我们利用了标本底座上的铭文、Rode（1938）在其类型标本目录中的记录以及一些传教士的传记。经过三年的努力，我们克服了当时地名拼写不规范的问题，最终确定了MNHN标本的地理位置以及滇金丝猴过去和现在的分布情况（见图2）。结果显示，MNHN的标本与当前的第5、6和7组群体相对应。

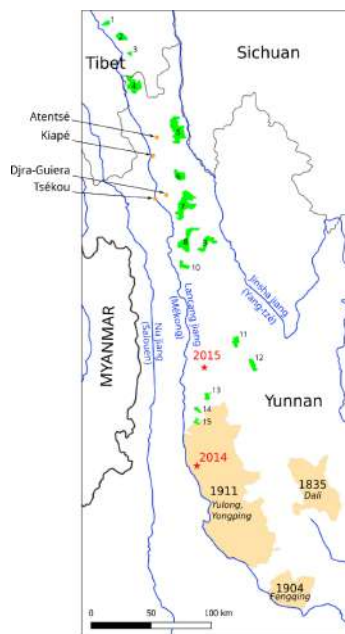


图2. 滇金丝猴的历史和现存分布

米黄色区域表示物种消失的县，标注了古文献中的观察日期（Li等，2002）。绿色区域表示已知的15个现代群体（Wong等，2013），红色星星表示新近发现的小群体及发现年份（Wang等，2019）。橙色圆圈指示除Cigu（茨姑，98.9°E 28°N）外的地点，这些地方是1895年Jean-André Soulié采集到模式标本和副模式标本的地点，后由巴黎国家自然历史博物馆进行分类描述（Milne-Edwards 1897；Rode 1938）。



重新连接孤立群体

在更新世期间，仰鼻猴属在整个亚洲广泛分布。青藏高原的隆升以及三大河流（萨尔温江、湄公河、长江）的分隔，导致了一系列从原始物种到新物种的分化，这一过程大约发生在100至200万年前。然而，在全新世期间，环境变化，特别是冰川作用，导致栖息地破碎化，造成种群规模减少，尤其是在过去400年中，由于人类人口增长和农业扩张而加剧。滇金丝猴在灵长类动物中表现出最低的杂合度（Kuang等，2023）。此外，Liu等（2009）的研究显示，滇金丝猴群体间的遗传距离只有49%可以用地理距离解释，而36.2%可以用栖息地连接性的丧失解释，这主要由于人类活动，如自然森林被转为农田、高速公路的修建和人类居住地的扩展。

因此，我们的研究团队致力于计算农业扩张带来的走廊阻断，并重建这些走廊以促进群体间的交流。通过基于栖息地分布的初步研究，我们建立了群体间的最低成本路径（Li等，2014）。随后，利用图论和Graphab软件（Foltête等，2021），我们对重建路径提升网络整体连接性的效果进行了模型化研究（Clauzel等，2015；Li等，2017）。总的来说，我们通过基于栖息地分布和滇金丝猴移动潜力的模型，评估了增加栖息地对网络整体连接性的影响，最终确定了栖息地变化最有可能对群体间交流产生重要影响的区域（见图3）。

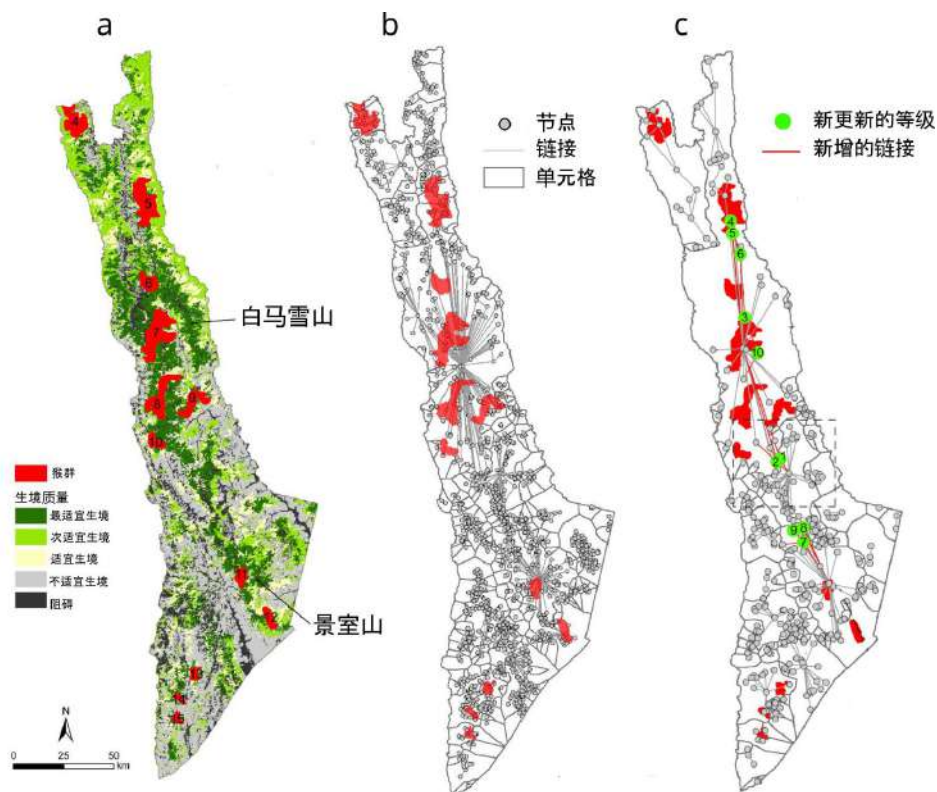


图3. 根据Li等（2017）研究的区域和连接性模型。

a: 云南省内猴子群体和栖息地质量的分布；b: 网络模型示例：节点表示最优栖息地斑块，连接距离为猴子在适宜栖息地内的平均扩散距离，格网表示猴子每日移动过程中连接的栖息地，考虑了栖息地对该物种的“渗透性”；c: 十个“最佳”恢复区域的定位，这些区域重建后将最大限度提高网络整体连接性。

响古管的喂养群体

第9组滇金丝猴位于白马雪山国家级自然保护区南部，估计有300至400只猴子，分布在海拔2500至4000米的约83平方公里范围内（见图2）。自2008年以来，在响古管村（27.638°N 99.367°E）附近，约有50只猴子习惯于在游客面前喂食，这是物种保护教育项目的一部分。猴子可以自由移动，并与其余种群交流。

每天早晨，猴子会被呼唤（通过吹口哨），并在游客面前投喂其主要食物——地衣。游客与猴子之间用绳子隔离，禁止游客自行喂食猴子（见图4）。此外，警卫会强力驱赶靠近绳子边界的猴子。为了模拟自然觅食的移动，喂养点每2-3天移动几百米。

这种管理方式不仅确保了猴子的健康与安全，还能有效地向游客宣传物种保护的重要性，并提供一种与野生动物互动的独特体验。这种方法有助于提高公众的环保意识，同时促进了滇金丝猴的保护和研究工作。



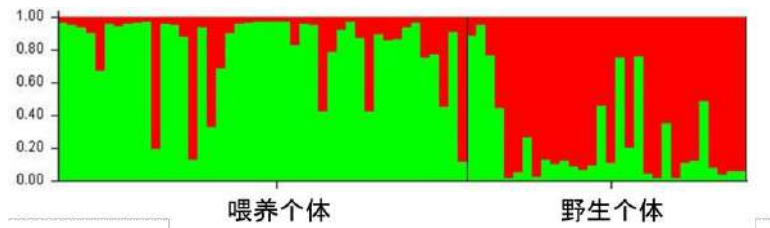


图4. 游客观察滇金丝猴喂食。红色箭头指向不允许游客越过的绿色绳子。

我们的研究基于非侵入性方法，通过分析粪便中的DNA，旨在确定自由活动的动物喂养对种群遗传结构和病原体传播的影响。研究的病原体为阿米巴原虫。我们从喂养区和远离喂养区的“野生”个体的91个粪便样本中提取DNA，使用10个微卫星标记进行分析（Afonso等，2021b）。在84个粪便样本中获得了一致的基因分型，显示了74个个体，其中44个为喂养个体，30个为野生个体。利用贝叶斯统计方法，不考虑等位基因频率分布，发现第9组滇金丝猴分为两个遗传群体，其等位基因频率有所不同。根据分配概率，喂养个体大多属于一个群体，而野生个体则属于另一个群体（见图5）。根据选择的分配阈值，部分个体可能属于两个群体之间的遗传混合。

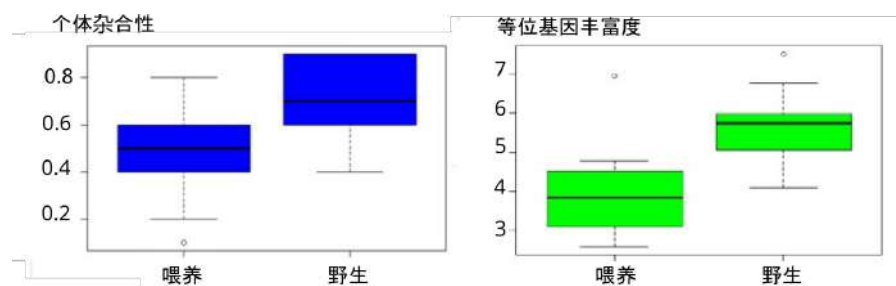


图5. 使用STRUCTURE软件比较喂养和野生个体的遗传结构

横轴每个条代表一个个体；纵轴表示个体属于某遗传群体的概率。两个群体分别用绿色和红色表示，分别对应喂养和野生个体。

喂养和野生子群体之间的遗传差异

喂养和野生子群体之间的遗传差异令人惊讶：尽管差异不大，但比几个几十公里外的子群体之间的差异更大。人为干预以创建喂养子群体的影响似乎超过了地理距离和/或景观碎片化的影响。此外，多种杂合度标记表明喂养子群体遗传多样性丧失（等位基因丰富度较低、杂合过剩、亲缘关系系数较高）（Afonso等，2021b）。



图6. 比较喂养和野生个体的遗传多样性标记

喂养点位于响古管村几百米外，同时也是村民放牧牛和猪的地方（见图7）。我们还发现猪会食用滇金丝猴的粪便（Fu等，2018）。喂养点的位置使其成为村庄与周围山脉之间病原体传播的潜在中介。



我们研究了Entamoeba属的阿米巴原虫。这些寄生虫定殖在宿主的消化道，并在传染到新宿主前经历一个自由环境阶段。通过扩增所有Entamoeba物种共有的DNA区域（如18S rDNA基因），并对每个阳性样本进行大规模DNA测序，我们筛选并鉴定了粪便中的物种。在相同的粪便样本中，我们分析了滇金丝猴的阿米巴原虫感染情况。

结果显示，喂养子群体的阿米巴原虫感染率很高，89%的个体粪便中检测到至少一种Entamoeba DNA，显著高于野生子群体的33%。基于这一发现，我们系统地采集了响古管村的猪、牛、鸡和狗的粪便样本，以及两个公共厕所的粪便样本，以进一步研究病原体的传播路径和潜在风险。

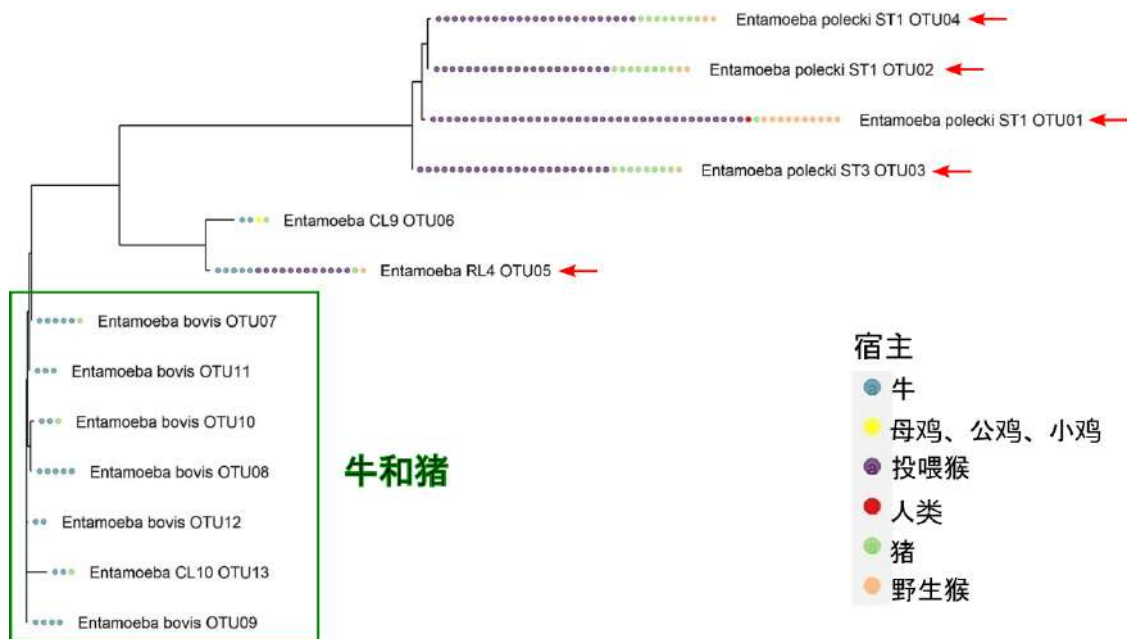


图8展示了13个OTU（操作分类单元）的Entamoeba在65个粪便样本中的阳性率和宿主谱。红色箭头指示在猴子中发现的OTUs，所有这些OTUs都与一种或多种家畜共享。值得注意的是，Entamoeba bovis在猴子中未被检测到，而Entamoeba polecki和一个未描述的OTU则被检测到。在所有宿主中，我们检测到13种不同的DNA序列（操作分类单元，OTU），它们都可以分配给某种Entamoeba物种或谱系（见图8）。红色箭头指示在猴子中发现的OTUs，所有这些OTUs都与一种或多种家畜共享。值得注意的是，Entamoeba bovis在猴子中未被检测到，而Entamoeba polecki和一个未描述的OTU则被检测到（CL9和RL4）。此外，研究发现个体离家畜越近，其粪便中发现寄生虫的几率越大（见图9）。

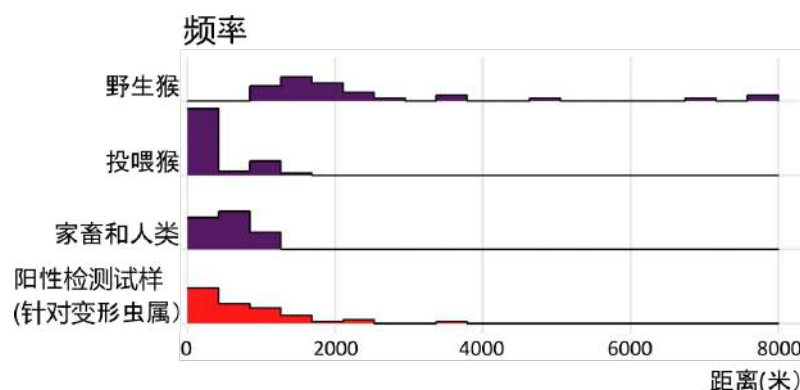


图9. 根据与人类和家畜集中区的距离，收集的不同宿主的粪便位置和检测到Entamoeba DNA（Entamoeba spp. 阳性）的样本分布

此图展示了不同宿主的粪便样本位置与Entamoeba DNA阳性样本的分布情况，基于与人类和家畜集中区的距离进行比较。



最后，我们发现个体的杂合度越高，其感染寄生虫的几率越低（见图10）。

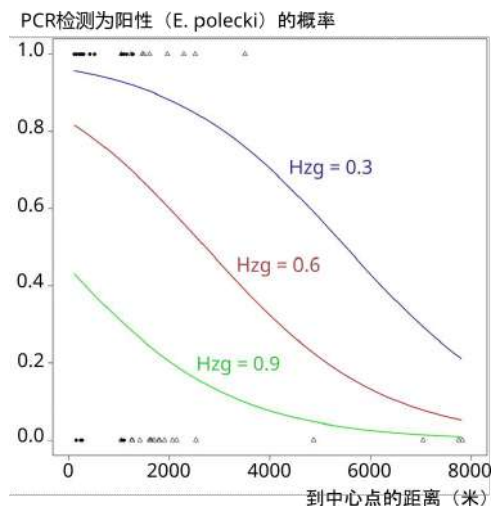


图10.根据杂合度 (Hzg) 和家畜粪便收集区中心点距离的二项模型 (Afonso等, 2021a)。黑色三角表示喂养个体的粪便样本, 白色三角表示野生个体的粪便样本。

结论

响古管管理的有效性

与其他地方和其他物种的喂养管理相比, 响古管的管理具有明显的有效性。每天的游客数量有限 (高峰期从几十人到一百多人), 需要提前注册。相比之下, 其他一些地点每天有数千甚至数万游客与猴子互动, 如某些保护区内的川金丝猴观察点或某些寺庙附近的藏酋猴或猕猴。

动物旅游喂养的影响

在响古管, 游客与猴子的直接接触被明确的边界 (绳索) 阻止, 禁止游客喂食猴子和其他互动行为。猴管员确保人类和猴子都遵守规定。喂养时间每天不超过一小时至一个半小时, 之后游客被要求离开喂养点。猴子随后返回树上, 自由活动, 直到夜间, 整个活动区域没有任何限制。此外, 每2-3天喂养点会移动几百米。尽管采取了这些措施, 研究结果显示动物旅游喂养具有双重影响。喂养子群体可能由于创始效应和小规模而表现出遗传多样性丧失。在引入新个体的模拟中, 这种转移无法持久恢复喂养子群体的遗传多样性 (Afonso等, 2021b)。

病原体传播的潜在风险

此外, 放牧区与喂养点的重叠增加了病原体在系统中的传播, 特别是一些阿米巴原虫, 其致病性尚不明确。将此类系统研究扩展到其他潜在病原体 (如细菌、病毒、蠕虫和其他原虫) 是必要的。为了限制这种传播, 可以通过将放牧区和喂养区分开, 但这种分离可能会在牧民 (需要这些牧场) 和猴群管理者 (包括一些本地人) 之间引发巨大的空间共享问题。

野生动物旅游的社会经济利益

这些缺点需要与野生动物旅游对当地社区的社会经济利益进行权衡。旅游收入足以支持猴管员 (其中一些是前捕猎者) 限制偷猎行为。此外, 一个救护中心每年收养并释放多只受伤的猴子。喂养子群体的建立可能是改善当地社区生活条件和资助研究与保护项目的代价, 使其成为中国的国家保护事业之一。旅游还能够显著提高公众对保护该物种及其栖息地的意识, 这些栖息地具有独特的生态价值和生物多样性。

总体而言, 物种的整体保护利益远远超过第9猴群 (分布图中的第9个猴群) 中约50个“固定”个体的管理成本。第9猴群的数量估计在300至400个个体之间。

参考

- Afonso E, Callou C, Clauzel C, Giraudoux P, Li L. Conservation du rhinopithèque de Biet. In : Giraudoux P, éditeur. Socio-écosystèmes [Internet]. Londres : ISTE - Sciences ; 2022. p. 225-58.
- Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goyadin A-C, Yu Z, Callou C, et al. Feeding sites promoting wildlife-related tourism might highly expose the endangered Yunnan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus bieti*) to parasite transmission. Sci Rep. 2021a;



11(1) : 15817. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95166-5>

• Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goydadin A-C, Yu Z, Li D, *et al.* Creating small food-habituated groups might alter genetic diversity in the endangered Yunnan snub-nosed monkey. *Global Ecology and Conservation*. 2021b ; 26 : e01422. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01422>

• Clauzel C, Xiqing D, Gongsheng W, Giraudoux P, Li L. Assessing the impact of road developments on connectivity across multiple scales: Application to Yunnan snub-nosed monkey conservation. *Biological Conservation*. 2015 ; 192 : 207-17. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2015.09.029>

• Foltête J-C, Vuidel G, Savary P, Clauzel C, Sahraoui Y, Girardet X, *et al.* Graphab: An application for modeling and managing ecological habitat networks. *Software Impacts*. 2021 ; 8 : 100065. <https://doi.org/10.1016/j.simpa.2021.100065>

• Fu R, Li L, Afonso E, Yu ZH, Giraudoux P. Spatial and temporal distribution of Yunnan snub-nosed monkey, *Rhinopithecus bieti*, indices. *Mammalia*. 2018 ; 83(2) : epub. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2017-0168>

• Kuang W, Zinner D, Li Y, Yao X, Roos C, Yu L. Recent Advances in Genetics and Genomics of Snub-Nosed Monkeys (*Rhinopithecus*) and Their Implications for Phylogeny, Conservation, and Adaptation. *Genes*. 2023 ; 14(5) : 985. <https://doi.org/10.3390/genes14050985>

• Li B, Pan R, C.E. O. Extinction of snub-nosed monkeys in china during the past 400 years. *Internat Journal of primatology*. 2002 ; 23(6) : 1227-44.

• Li L, Xue Y, Wu G, Li D, Giraudoux P. Potential habitat corridors and restoration areas for the black-and-white snub-nosed monkey *Rhinopithecus bieti* in Yunnan, China. *Oryx*. 2014 ; 49(4) : 719-26.

<https://doi.org/10.1017/s0030605313001397>

• Li W, Clauzel C, Dai Y, Wu G, Giraudoux P, Li L. Improving landscape connectivity for the Yunnan snub-nosed monkey through cropland reforestation using graph theory. *Journal for Nature Conservation*. 2017 ; 38 : 46-55. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2017.06.002>

• Liu ZJ, Ren BP, Wu RD, Zhao L, Hao YL, Wang BS, *et al.* The effect of landscape features on population genetic structure in Yunnan snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) implies an anthropogenic genetic discontinuity. *Molecular Ecology*. 2009 ; 18(18) : 3831-46.

<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04330.x>

• Milne-Edwards MA. Note sur une nouvelle espèce du genre *Rhinopithecus* provenant de la Haute Vallée du Mékong. *Bull Mus Hist Nat Paris*. 1897 ; 5 : 156-60.

• Quan RC, Ren GP, Behm JE, Wang L, Huang Y, Long YC, *et al.* Why Does *Rhinopithecus bieti* Prefer the Highest Elevation Range in Winter? A Test of the Sunshine Hypothesis. *Plos One* [Internet]. 2011 ; 6(9).

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024449>

• Rode P. Catalogue des types de mammifères du Museum National d'Histoire Naturelle. Ordre des Primates, sous-ordre des Simiens. Vol. I. Paris : Museum National d'Histoire Naturelle ; 1938.

• Wang H, Xu H, Li Y, Xu Z, Ding W, Xiao W, *et al.* New distribution records for the endangered black-and-white snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) in Yunnan, China. *fozo*. 2019 ; 68(2) : 79-85. <https://doi.org/10.25225/fozo.069.2019>

• Wong MHG, Li RQ, Xu M, Long YC. An integrative approach to assessing the potential impacts of climate change on the Yunnan snub-nosed monkey. *Biological Conservation*. 2013 ; 158 : 401-9.

<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.08.030>



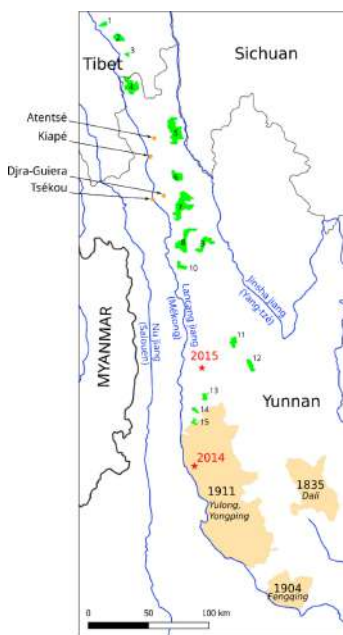


Figure 1 : À gauche : jeune rhinopithèque de Biet prenant sa nourriture favorite, les lichens ; au centre : arbres couverts des lichens chevelus ; à droite : forêt sempervérente d'altitude (3 000-3 700 m) des Laojun Shan, en novembre 2015, typique de l'habitat optimal du rhinopithèque de Biet (© Giraudoux).

Le présent article a pour but de présenter les principaux résultats des travaux de recherche effectués par notre équipe sur l'écologie de cette espèce, par ailleurs détaillés dans Afonso *et al.* (2022). Il s'est agi de déterminer l'origine géographique la plus exacte possible de l'holotype et des paratypes¹ de l'espèce dont le MNHN (Muséum National d'Histoire Naturelle) a la charge, de chercher quels corridors d'habitat pourraient être prioritairement reconstitués pour reconnecter les populations isolées et, enfin, de mesurer les effets des points de nourrissage sur la population de XiangGuQing (响古箐), près de Tacheng (塔城) dans le Yunnan.

RÉSOLURE L'ÉNIGME DE LA LOCALISATION GÉOGRAPHIQUE DES HOLOTYPES ET PARATYPES DE L'ESPÈCE

Le rhinopithèque de Biet a été porté à connaissance de la science au 19^e siècle par Jean-André Soulié, un prêtre des Missions étrangères de Paris installé à « Tsékou » (maintenant nommé Cigu, 茨姑) du 8 décembre 1894 au 20 juillet 1896. Une fois les spécimens expédiés au MNHN à Paris, la diagnose a été réalisée par Alphonse Milne-Edwards en 1897. Le socle de l'holotype montre que l'espèce devait être initialement nommée *Rhinopithecus souliei*, mais le nom a été biffé au profit de Félix Biet, l'évêque de l'époque, basé à Kangding et supérieur hiérarchique de Jean-André Soulié. S'ensuivirent près de 70 ans d'absence d'étude scientifique, les 15 groupes connus actuellement n'ayant été inventoriés qu'à partir de la fin des années 1970 par des chercheurs et naturalistes chinois (pour une histoire complète, voir Afonso *et al.* 2022). Les techniques de biologie moléculaire permettent maintenant de valoriser les ADN anciens, souvent dégradés, des spécimens de collections muséologiques, par exemple en précisant leur origine géographique ou en déterminant leurs possibles liens de parentés. Un des premiers travaux a consisté à prélever des fragments de pulpe dentaire des spécimens déposés au MNHN et à amplifier leur ADN, notamment un certain nombre de micro-satellites. Même si l'on retrouve une structure générale dans laquelle les échantillons modernes et les spécimens peuvent être classés en deux grandes lignées d'ADN mitochondrial, on observe chez plusieurs d'entre eux des haplotypes² qui n'ont pas été rapportés dans la littérature, suggérant leur rareté, voire leur absence, dans la population actuelle. Ces différences de diversité se retrouvent également, à une autre échelle, sur l'ADN nucléaire (Afonso *et al.* non publié).



Se posait alors la question de la localisation géographique précise des spécimens en vue de comparer leur signature génétique à celle de leurs homologues contemporains présents dans la même région. Pour ce faire, le matériel disponible était les inscriptions sur les socles, les catalogues des collections repris par Rode (1938) dans ses catalogues des spécimens types, et quelques biographies de missionnaires. La principale difficulté, qu'il a fallu trois ans pour surmonter, fut que les noms de l'époque étaient des transcriptions non-standard du lisou, langue du groupe ethnique tibéto-birman majoritaire localement, ou du mandarin, noms qui eux-mêmes pouvaient avoir changé depuis le 19^e siècle. La Figure 2 montre les localisations des spécimens du MNHN qui ont pu être établies, et la distribution passée et actuelle des différents groupes de rhinopithèques de Biet. Les spécimens du MNHN sont donc très clairement à apparenter aux actuels groupes 5, 6 et 7.

Figure 2 : Répartition historique et actuelle du rhinopithèque de Biet. Les plages beige correspondent aux comtés où l'espèce a disparu, avec la date des observations référencées dans les documents anciens (Li *et al.* 2002). Les zones vertes correspondent aux 15 groupes modernes connus (Wong *et al.* 2013) et les étoiles rouges aux découvertes récentes de petits groupes inconnus auparavant, avec l'année de leur découverte (Wang *et al.* 2019). Les cercles oranges pointés par des flèches, à l'exception de Tsékou, maintenant nommé Cigu (茨姑, 98.9°E, 28°N), lieu de résidence de Jean-André Soulié, sont les sites mentionnés près desquels les holotypes et les paratypes de l'espèce ont été capturés, probablement en 1895, et dont la diagnose a été effectuée plus tard au Muséum National d'Histoire Naturelle, à Paris (Milne-Edwards 1897 ; Rode 1938).

1- Un holotype est le spécimen de référence attaché à un nom scientifique à partir duquel une espèce a été décrite ; un paratype est un spécimen cité dans la description mais qui n'est pas l'holotype.

2- Un haplotype est un groupe d'allèles de différents loci situés sur un même chromosome et habituellement transmis ensemble.



VERS UNE RECONNEXION DES GROUPES ISOLÉS

Le genre rhinopithèque était largement répandu dans toute l'Asie au cours du Pléistocène. La levée du plateau tibétain et la séparation de grandes régions par les trois fleuves majeurs (Salouen, Mékong et Yangtsé) a entraîné un bouquet de spéciations à partir d'une espèce originelle il y a 1-2 millions d'années³. Cependant, les changements environnementaux survenus au cours de l'Holocène, notamment les glaciations, ont entraîné une fragmentation de l'habitat qui a conduit à une réduction de la taille des populations de rhinopithèques de Biet, particulièrement accélérée ensuite par l'expansion de la population humaine et de l'agriculture au cours des 400 dernières années. Il en résulte que le rhinopithèque de Biet est, parmi les primates, l'espèce qui présente de très loin la plus faible l'hétérozygotie (Kuang et al. 2023). De plus, Liu et al. (2009) ont montré que seulement 4,9 % de la distance génétique entre les groupes de rhinopithèques de Biet s'expliquait par la distance géographique, alors que 36,2 % s'expliquait par une perte de connectivité d'habitat, qui résulte principalement des activités humaines telles que la conversion des forêts naturelles en terres agricoles, les autoroutes et les établissements humains. Notre groupe de recherche s'est donc attaché à calculer quels sont les corridors détruits, notamment par l'expansion de l'agriculture, dont la reconstitution aurait le plus grand effet sur les échanges entre groupes. Après une première étude basée sur une carte d'habitat à partir de laquelle les chemins de moindre coût entre les groupes furent établis (Li et al. 2014), une approche basée sur la théorie des graphes et l'utilisation du logiciel Graphab (Foltête et al. 2021) a permis de modéliser les chemins dont la reconstitution pourrait augmenter de façon significative la connectivité globale du réseau (Clauzel et al. 2015 ; Li et al. 2017). En bref, à partir de graphes basés sur une cartographie des habitats optimaux et les potentialités estimées de déplacement des singes, des scénarios furent testés où des habitats optimaux étaient ajoutés à deux échelles pour en mesurer l'effet sur la connectivité globale du réseau, permettant *in fine* de déterminer où une modification d'habitat avait le plus de chance d'avoir un effet important sur les échanges entre groupes (Figure 3).

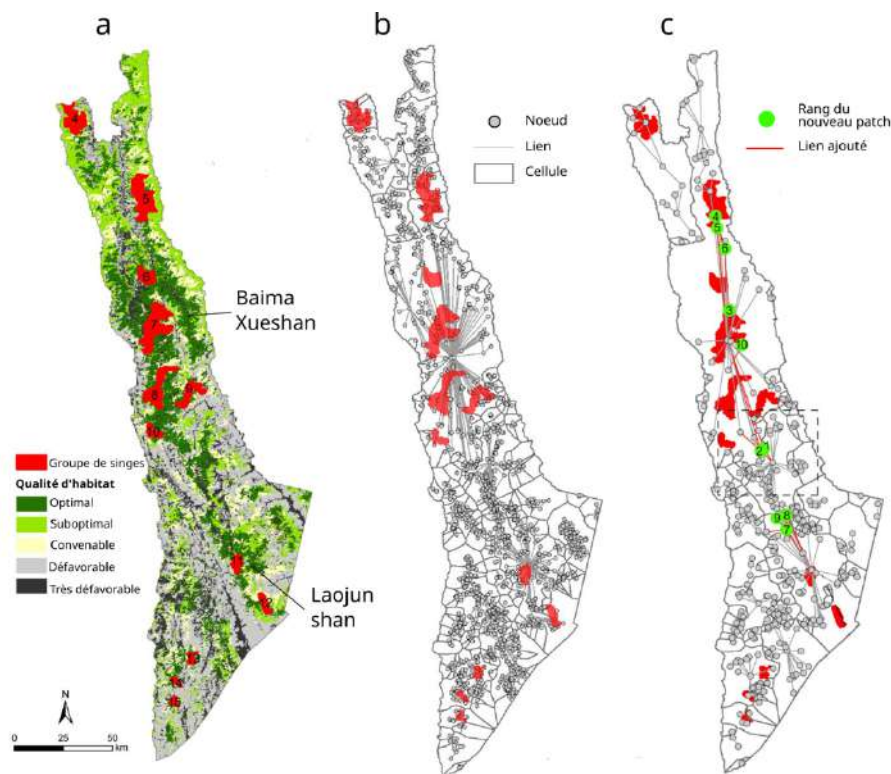


Figure 3 : Zone d'étude et modèles de connectivité, d'après Li et al. (2017).

a : localisation des groupes de singes et qualité des habitats dans la province du Yunnan ;

b : exemple de graphe modélisant le réseau : les nœuds ont été définis comme des taches d'habitat optimal et les liens ont été seuillés à la distance de dispersion moyenne des singes en habitat favorable ; les cellules sont les ensembles d'habitats connectés par les déplacements quotidiens des singes, compte-tenu de la « perméabilité » des habitats pour l'espèce ;

c : localisation des dix « meilleures » zones agricoles (patch) qui, réhabilitées, maximiseraient la connectivité globale du réseau : leur rang va du plus grand au plus petit gain de connectivité.

3- *R. strykeri* à l'ouest de la Salouen, *R. bieti* entre Mékong et Yangtsé, *R. roxellana* à l'est du Yangtsé.



LE GROUPE NOURRI DE XIANGGUQING

Le groupe 9, dans la partie sud de la réserve nationale naturelle des Baima Xueshan, compte un nombre d'individus estimé entre 300 et 400, répartis sur une aire d'environ 83 km² entre 2 500 et 4 000 m d'altitude (Figure 2). À partir de 2008, à quelques centaines de mètres du village de XiangGuQing (latitude 27.638°N, longitude 99.367°E), une cinquantaine d'entre eux ont été habitués à être nourris devant les touristes, dans le cadre de programmes d'éducation pour la conservation de l'espèce. Les singes, qui peuvent se déplacer librement et échanger avec le reste de la population, sont appelés chaque matin à l'aide d'un sifflet et, devant les touristes présents, nourris des lichens qui composent la majeure partie de l'alimentation usuelle de l'espèce. Les singes sont séparés des touristes par une corde, et il leur est interdit de les nourrir par eux-mêmes (Figure 4). De plus, les gardes repoussent vigoureusement les singes quand ils s'approchent au-delà de la limite matérialisée par la corde. Enfin, les points de nourrissage sont déplacés tous les deux ou trois jours de quelques centaines de mètres, afin de simuler les déplacements naturels effectués pour trouver de la nourriture.



Figure 4 : Groupe de touristes observant le nourrissage des rhinopithèques de Biet. La flèche rouge pointe la corde (verte) qu'il est interdit de dépasser.

Nos investigations ont été basées sur une méthode non-invasive : l'analyse de l'ADN que contiennent les fèces, avec pour but de déterminer si le nourrissage d'animaux circulant librement avait des conséquences sur la structure génétique de la population et sur la circulation des agents pathogènes. Pour des raisons de commodité technique, les agents pathogènes étudiés furent les amibes.

L'ADN fut extrait des 91 fèces collectées, à la fois dans l'aire de nourrissage et dans l'aire éloignée où vivent les individus « sauvages » (non-nourris), puis caractérisé par 10 marqueurs microsattellites (Afonso *et al.* 2021b). Quatre-vingt-quatre d'entre les fèces aboutirent à un génotypage cohérent. Elles correspondaient à 74 individus, dont 44 attribuées à des animaux nourris et 30 à des animaux sauvages de par leur localisation. Des méthodes statistiques bayésiennes, sans *a priori* sur la distribution des fréquences alléliques, furent utilisées. Il est alors apparu que le groupe 9 était structuré en deux clusters génétiques dont les fréquences alléliques différaient. Pour chaque individu, nous disposons de la probabilité qu'il appartienne à l'un ou l'autre des deux clusters : la majorité des individus identifiés comme nourris selon les observations de terrain appartenaient à un cluster, et les individus identifiés comme sauvages appartenaient à l'autre cluster (Figure 5). Selon le seuil d'assignation choisi, un nombre variable d'individus n'appartenait à aucun des deux clusters, ce qui pouvait suggérer la possibilité de profils génétiques issus d'un brassage génétique entre les deux clusters.

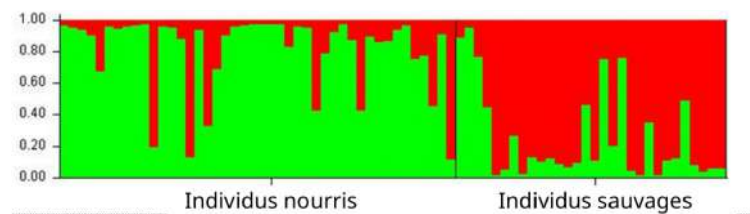


Figure 5 : Comparaison de la structure génétique des individus nourris et sauvages issue du logiciel STRUCTURE. En abscisse, chaque barre représente un individu ; la probabilité que l'individu appartienne à un cluster génétique est représentée en ordonnée, rouge pour « sauvage », vert pour « nourri ». Les attributions sont majoritairement congruentes entre l'attribution génétique et l'observation sur le terrain.



La différenciation génétique entre les sous-groupes nourri et sauvage était surprenante : bien que modérée, elle était plus élevée que celle observée entre des sous-populations distantes de plusieurs dizaines de kilomètres. L'intervention humaine pour créer le sous-groupe nourri semblait donc agir plus fortement que la distance géographique et/ou la fragmentation de l'habitat. De plus, plusieurs marqueurs d'hétérozygotie indiquaient une perte de diversité génétique dans le sous-groupe nourri (richesse allélique plus faible, excès d'homozygotie, coefficient d'apparement supérieur (Figure 6) (Afonso et al. 2021b).

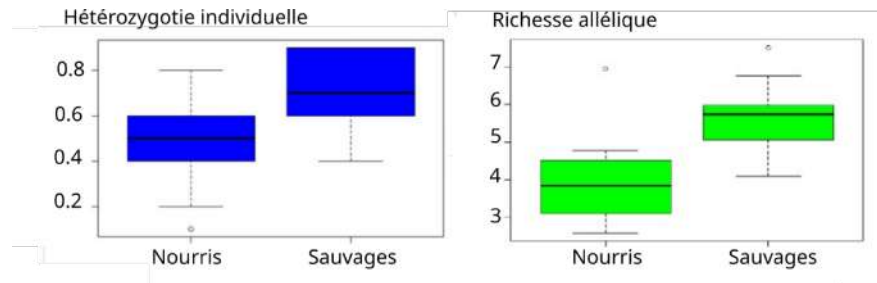


Figure 6 : Comparaison des marqueurs de diversité génétique entre individus nourris et sauvages.

Les sites de nourrissage étant situés à quelques centaines de mètres du village de XiangGuQing, ils se localisent aussi dans la zone de pacage des bovins et des porcs élevés par les habitants (Figure 7). Nous avons montré que les porcs consommaient les excréments de rhinopithèques (Fu et al. 2018). Du fait de leur emplacement, les sites de nourrissage sont donc un relais potentiel de transmission d'agents pathogènes entre le village et les montagnes alentours.



Figure 7 : Bovins et porcs paissant à proximité des zones de nourrissage.

Nous nous sommes intéressés à la circulation d'amibes du genre *Entamoeba*. Ces parasites colonisent les voies digestives des hôtes et passe par une phase libre dans le milieu extérieur avant d'infecter un nouvel hôte. Nous avons utilisé des méthodes moléculaires basées sur l'amplification d'une région de l'ADN commune à toutes les espèces d'*Entamoeba*, le gène *18S rDNA*, et sur le séquençage massif des ADN ainsi amplifiés dans chaque échantillon positif, pour cribler les espèces contenues dans les fèces sans *a priori*. Nous avons recherché les amibes chez les singes dans les mêmes fèces que celles utilisées pour étudier leur diversité génétique. La prévalence amibienne était élevée dans le sous-groupe nourri (89 % des individus avaient au moins une séquence d'ADN d'*Entamoeba* dans leurs fèces) et significativement plus élevée que dans le sous-groupe sauvage (33 %). Partant de ce constat, nous avons réalisé un échantillonnage systématique des fèces de bovins, chiens, porcs et poules dans deux latrines humaines dans le village de XiangGuQing et sur les sites de nourrissage des rhinopithèques.

Tous hôtes confondus, nous avons détecté 13 séquences d'ADN différentes (Operational Taxonomic Unit, OTU) qui pouvaient toutes être assignées à une espèce ou une lignée d'*Entamoeba* (Figure 8). En outre, plus un individu était localisé à proximité de la faune domestique et plus le risque de retrouver le parasite dans ses fèces étaient élevées (Figure 9).



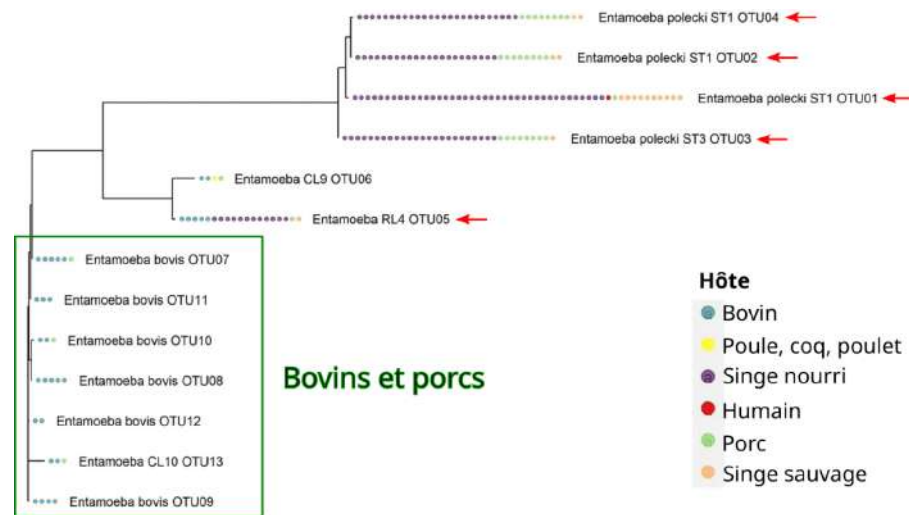


Figure 8 : Spectre d'hôtes et nombre de fèces positives pour les 13 OTUs d'Entamoeba amplifiées dans 65 des 115 échantillons fécaux. Les flèches rouges surmarquent les OTUs trouvées chez les singes, toutes partagées avec une ou plusieurs espèces d'animaux domestiques. Entamoeba bovis n'a pas été détecté chez les singes, au contraire d'Entamoeba polecki et de deux OTUs non encore décrites à ce jour (CL9 et RL4).

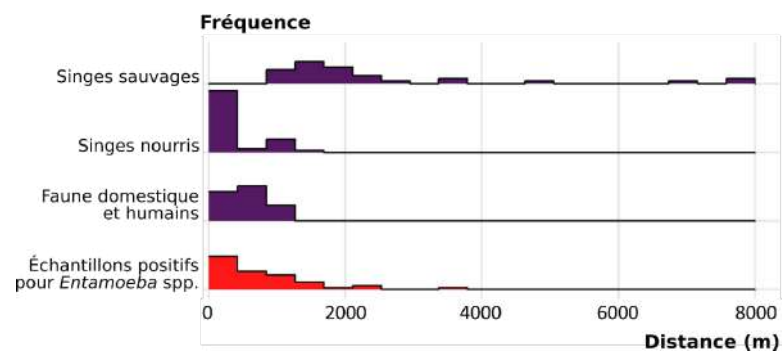


Figure 9 : Localisation des fèces collectées pour différentes catégories d'hôtes et des échantillons dans lesquels l'ADN d'Entamoeba a été détecté (positifs pour Entamoeba spp.) en fonction de la distance au centroïde de la zone où humains et faune domestique sont localisés.

Enfin, nous avons pu montrer que plus l'hétérozygotie des individus était élevée, plus était faible la probabilité qu'ils soient infectés (Figure 10).

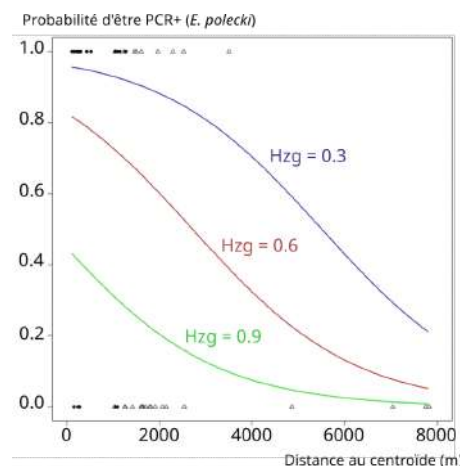


Figure 10 : Modèle binomial de la prévalence d'E. polecki en fonction du degré d'hétérozygotie (Hzg) et de la distance au centroïde de la zone où les fèces d'animaux domestiques ont été collectées, d'après Afonso et al. (2021a).

Les triangles noirs correspondent aux échantillons de fèces des individus nourris, les triangles blancs à ceux des individus sauvages. PCR : Polymerase Chain Reaction



CONCLUSIONS

Comparé à la gestion du nourrissage en d'autres lieux et pour d'autres espèces, les précautions prises à XiangGuQing sont exemplaires. Le nombre journalier de touristes reste faible (quelques dizaines à plus d'une centaine pendant les périodes de grande affluence) car il est limité par une inscription préalable obligatoire. En comparaison, d'autres sites voient circuler et interagir avec les singes, sans grand contrôle, des milliers, voire des dizaines de milliers de touristes quotidiennement, par exemple pour l'observation du rhinopithèque de Roxellane dans certaines réserves, ou du macaque tibétain ou rhésus près de certains temples.

Le contact direct entre touristes et singes est découragé à XiangGuQing par la matérialisation d'une frontière (corde) à ne pas dépasser, le nourrissage par les touristes et autres interactions sont interdits, et les gardiens sont très vigilants à ce que les règles soient respectées, tant par les humains que par les singes. Le temps d'observation journalier au moment du nourrissage n'excède pas une heure à une heure et demie, sans interactions, à la suite de laquelle les touristes sont invités à quitter le point de nourrissage. Les singes retournent alors dans les arbres et se déplacent totalement librement pendant le reste de la journée et la nuit, loin des visiteurs, dans un espace qui n'est limité par aucune barrière. Enfin, les points de nourrissage sont déplacés de quelques centaines de mètres tous les deux ou trois jours.

Les études présentées ici montrent cependant, malgré ces précautions, l'ambivalence de la situation créée par le nourrissage des rhinopithèques à des fins de tourisme animalier. Probablement par une sorte d'effet de fondation et par le petit effectif du sous-groupe nourri, celui-ci se trouve clairement en déficit d'hétérozygotie, pour une espèce qui elle-même est une de celles présentant l'hétérozygotie la plus faible parmi les primates. Des simulations réalisées à partir de modèles introduisant de nouveaux individus dans le groupe montrent que ce type de translocation, qui ne serait pas sans poser des questions éthiques, techniques et d'acceptation des nouveaux individus, ne permettrait pas de rétablir durablement la diversité génétique du sous-groupe nourri (Afonso *et al.* 2021b).

Par ailleurs, la superposition des zones où paît le bétail et des sites de nourrissage renforce la circulation d'agents pathogènes dans le système, ici plusieurs espèces d'amibes dont la pathogénicité est inconnue. Il serait certainement judicieux d'étendre ce genre d'étude systémique à d'autres organismes potentiellement pathogènes (virus, bactéries, helminthes, autres protozoaires, etc.). Cette circulation pourrait certainement être limitée en séparant les zones de pacage des zones de nourrissage. Mais une telle séparation poserait d'énormes problèmes de partage de l'espace entre les éleveurs qui exploitent ces pâtures et les gestionnaires et gardiens du groupe de singes, même si eux-mêmes sont des autochtones lisous habitant le village (et pour certains aussi paysans et éleveurs).

Ces inconvénients sont cependant à mettre en balance avec les bénéfices socio-économiques que le tourisme animalier représente pour la communauté locale. Ils sont indispensables pour que celle-ci coexiste sans conflit avec cette espèce animale menacée, pour laquelle chaque individu compte. Le tourisme animalier à XiangGuQing apporte suffisamment de ressources financières pour que les gardes (dont certains parmi les plus anciens sont des trappeurs reconvertis) assurent une surveillance qui limite le braconnage. Un centre accueillant les individus blessés a également été créé et accueille tous les ans plusieurs individus qui sont ensuite relâchés. La création d'un sous-groupe nourri est certainement le prix à payer pour permettre d'améliorer les conditions de vie des communautés locales et de financer des programmes de recherche et de sensibilisation à la conservation de cette espèce, qui est maintenant une des grandes causes nationales en Chine. Elle permet aussi à un nombre significatif de visiteurs d'être sensibilisés non seulement à la préservation de l'espèce, mais aussi à celle des écosystèmes d'altitude uniques qu'elle habite, dont la nature et les changements saisonniers sont d'une beauté à couper le souffle.

Les bénéfices pour l'espèce dans son ensemble dépassent donc très certainement les coûts supportés par la cinquantaine d'individus « fixés » et nourris parmi le groupe 9, dont l'effectif total est estimé entre 300 et 400 individus.

RÉFÉRENCES

- Afonso E, Callou C, Clauzel C, Giraudoux P, Li L. Conservation du rhinopithèque de Biet. In : Giraudoux P, éditeur. Socio-écosystèmes [Internet]. Londres : ISTE - Sciences ; 2022. p. 225-58.
- Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goydadin A-C, Yu Z, Callou C, *et al.* Feeding sites promoting wildlife-related tourism might highly expose the endangered Yunnan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus bieti*) to parasite transmission. *Sci Rep.* 2021a; 11(1) : 15817. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95166-5>
- Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goydadin A-C, Yu Z, Li D, *et al.* Creating small food-habituated groups might alter genetic diversity in the endangered Yunnan snub-nosed monkey. *Global Ecology and Conservation.* 2021b ; 26 : e01422. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01422>
- Clauzel C, Xiqing D, Gongsheng W, Giraudoux P, Li L. Assessing the impact of road developments on connectivity across multiple scales: Application to Yunnan snub-nosed monkey conservation. *Biological Conservation.* 2015 ; 192 : 207-17. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2015.09.029>
- Foltête J-C, Vuidel G, Savary P, Clauzel C, Sahraoui Y, Gi-



- rardet X, *et al.* Graphab: An application for modeling and managing ecological habitat networks. *Software Impacts*. 2021 ; 8 : 100065. <https://doi.org/10.1016/j.simpa.2021.100065>
- Fu R, Li L, Afonso E, Yu ZH, Giraudoux P. Spatial and temporal distribution of Yunnan snub-nosed monkey, *Rhinopithecus bieti*, indices. *Mammalia*. 2018 ; 83(2) : epub. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2017-0168>
 - Kuang W, Zinner D, Li Y, Yao X, Roos C, Yu L. Recent Advances in Genetics and Genomics of Snub-Nosed Monkeys (*Rhinopithecus*) and Their Implications for Phylogeny, Conservation, and Adaptation. *Genes*. 2023 ; 14(5) : 985. <https://doi.org/10.3390/genes14050985>
 - Li B, Pan R, C.E. O. Extinction of snub-nosed monkeys in china during the past 400 years. *Internat Journal of primatology*. 2002 ; 23(6) : 1227-44.
 - Li L, Xue Y, Wu G, Li D, Giraudoux P. Potential habitat corridors and restoration areas for the black-and-white snub-nosed monkey *Rhinopithecus bieti* in Yunnan, China. *Oryx*. 2014 ; 49(4) : 719-26. <https://doi.org/10.1017/s0030605313001397>
 - Li W, Clauzel C, Dai Y, Wu G, Giraudoux P, Li L. Improving landscape connectivity for the Yunnan snub-nosed monkey through cropland reforestation using graph theory. *Journal for Nature Conservation*. 2017 ; 38 : 46-55. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2017.06.002>
 - Liu ZJ, Ren BP, Wu RD, Zhao L, Hao YL, Wang BS, *et al.*

- The effect of landscape features on population genetic structure in Yunnan snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) implies an anthropogenic genetic discontinuity. *Molecular Ecology*. 2009 ; 18(18) : 3831-46. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04330.x>
- Milne-Edwards MA. Note sur une nouvelle espèce du genre *Rhinopithecus* provenant de la Haute Vallée du Mékong. *Bull Mus Hist Nat Paris*. 1897 ; 5 : 156-60.
 - Quan RC, Ren GP, Behm JE, Wang L, Huang Y, Long YC, *et al.* Why Does *Rhinopithecus bieti* Prefer the Highest Elevation Range in Winter? A Test of the Sunshine Hypothesis. *Plos One* [Internet]. 2011 ; 6(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024449>
 - Rode P. Catalogue des types de mammifères du Museum National d'Histoire Naturelle. Ordre des Primates, sous-ordre des Simiens. Vol. I. Paris : Museum National d'Histoire Naturelle ; 1938.
 - Wang H, Xu H, Li Y, Xu Z, Ding W, Xiao W, *et al.* New distribution records for the endangered black-and-white snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) in Yunnan, China. *fozo*. 2019 ; 68(2) : 79-85. <https://doi.org/10.25225/fozo.069.2019>
 - Wong MHG, Li RQ, Xu M, Long YC. An integrative approach to assessing the potential impacts of climate change on the Yunnan snub-nosed monkey. *Biological Conservation*. 2013 ; 158 : 401-9. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.08.030>



黑白仰鼻猴的保护与野生动物旅游：面临的问题是什么？

作者 Patrick GIRAUDOUX¹ , Ève AFONSO² , Céline CLAUZEL³ , Cécile CALLOU⁴  et 李丽⁵ 

摘要

黑白仰鼻猴生活在云南和西藏海拔高达4200米的偏远山脉中，自19世纪被法国人发现以来，其生物学和生态学在近70年内几乎无人问津。这一特有物种生存于长江上游和湄公河上游之间，分布在15个或多或少孤立的群体中，且可能仍有未记录的群体存在，无论是残存的还是重新发现的。黑白仰鼻猴的保护工作不仅涉及提升公众对该物种的认知与保护意识，还提出了一系列关于种群隔离历史、群体间联系及游客喂养行为对健康后果的影响的问题。本文旨在介绍这一标志性物种的研究历程及主要成果。

关键词：野生动物旅游、一体化健康、隔离、种群遗传学、阿米巴原虫

摘要：

黑白仰鼻猴生活在云南和西藏海拔高达4200米的偏远山脉中，自19世纪被法国人发现以来，其生物学和生态学在近70年内几乎无人问津。这一特有物种生存于长江上游和湄公河上游之间，分布在15个或多或少孤立的群体中，且可能仍有未记录的群体存在，无论是残存的还是重新发现的。黑白仰鼻猴的保护工作不仅涉及提升公众对该物种的认知与保护意识，还提出了一系列关于种群隔离历史、群体间联系及游客喂养行为对健康后果的影响的问题。本文旨在介绍这一标志性物种的研究历程及主要成果。

关键词：野生动物旅游、一体化健康、隔离、种群遗传学、阿米巴原虫

引言

遏制生物多样性下降是本世纪最重要的挑战之一。不到一个世纪的时间里，全球人口增长了四倍，达到近80亿，同时人均需求（以人均GDP衡量）增加了13倍以上。生物多样性下降是人口增长的结果之一，其主要原因包括：(1) 栖息地破坏，(2) 动植物种群的过度开发，(3) 气候变化，(4) 污染（包括农业、工业和生活污染），以及(5) 人为引入的入侵物种（IPBES 2019）。应对这一直接关系到地球宜居性的挑战，很大程度上取决于社会对保护濒危物种及其栖息地努力的认可和接受。这意味着需要在全世界和国家层面提升公众对生物多样性下降带来负面影响的认识，推动相关法律和行动的制定，并确保在地方层面对这些物种的有效保护。提高公众意识可以通过多种途径实现，例如动物纪录片和电影。这些纪录片和电影不仅能唤起并保持公众的环保意识，还能激发人们对野生动物的兴趣，进而促使人们在现实世界中珍稀或重要的野生动物产生观赏需求。对此需求的回应形式多种多样，从动物园或救护中心（圈养动物）到自然保护区（动物自由活动，但通常难以观察），或迁徙走廊（在特定季节可以自由观察，或在专业导游的帮助下观察）。在圈养和野外自由生活之间，还发展出了一些喂养点或人工水源点，游客可以在这些地方近距离观察感兴趣的物种。这种做法在全球范围内广泛存在，尤其在某些灵长类动物的保护中更为常见，如中国特有的滇金丝猴（*Rhinopithecus bieti*）。

1- Professeur émérite d'écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : patrick.giraudoux@univ-fcomte.fr

2- Maître de conférences en écologie, UMR UFC/CNRS Chrono-environnement, Université de Franche-Comté, France et LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : eve.afonso@univ-fcomte.fr

3- Professeur de géographie, UMR LADYSS, Université Paris 1 Panthéon Sorbonne. Courriel : celine.clauzel@univ-paris1.fr

4- Professeur chargée de collection, UMR AASPE, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris. Courriel : cecile.callou@mnhn.fr

5- Professeur d'écologie, LWMEH, School of Life Sciences, Leshan Normal University, Sichuan, Chine. Courriel : lilyzsu@126.com





图1. 左：年轻的滇金丝猴及其最喜欢的地衣食物；中：覆盖地衣的树木，这是滇金丝猴的食物来源；右：2015年11月的老君山常绿高山森林（3000-3700米），这是滇金丝猴的最佳栖息地。

本文旨在介绍我们研究团队在滇金丝猴生态学方面的主要研究成果，详细内容见Afonso等人（2022）。研究的目的是确定该物种模式标本的最准确地理来源，探讨优先重建哪些栖息地走廊以重新连接孤立的种群，并评估在云南塔城（响古箐）附近对游客开放的喂养点对种群的影响。

滇金丝猴是中国特有的标志性物种之一（见图1），也是全球25种最濒危的灵长类动物之一，被国际自然保护联盟（IUCN）列为“濒危”物种。这种以叶为主食的猴子主要以地衣为食，如鬃状地衣和梅衣等。与该亚科的其他物种类似，滇金丝猴在前胃中进行发酵，消化功能与反刍动物相似。在基因层面，滇金丝猴展现出对高海拔环境的适应能力。其分布区域位于湄公河上游（澜沧江）和长江上游（金沙江）之间的海拔1800至4600米的范围内（主要分布在2500米以上）。滇金丝猴与非洲的髯猴（*Theropithecus gelada*）共同成为世界上生活在最高海拔的非人类灵长类动物。研究表明，滇金丝猴特别选择了一些与DNA修复、氧化磷酸化过程和血管生成相关的基因，表明其已适应紫外线辐射增强和稀薄氧气环境下的能量代谢（Kuang等，2023）。此外，滇金丝猴还表现出一些适应性的行为模式，例如在冬季选择较冷但阳光充足的高海拔地区（4100-4400米），这些地区的积雪融化得更快，食物更早暴露出来，尽管这些区域的温度低于其他季节的栖息地（3500-4500米）（Quan等，2011）。滇金丝猴主要分布在云南西北部和西藏东南部的常绿高山森林中，约有15个相对孤立的群体，总数量在2000至3000只之间，分布范围超过300公里的山脉，海拔超过4000米。可能仍有未记录的群体，无论是遗存的还是重新发现的，如最近在其历史分布范围南部发现的群体（Wang等，2019）。

解开模式标本地理定位之谜

滇金丝猴（*Rhinopithecus bieti*）最早由法国传教士Jean-André Soulié于19世纪引入科学界。Soulié在“Tsékou”（今名茨古）生活期间，于1894年12月8日至1896年7月20日间收集了滇金丝猴的标本，并寄往巴黎国家自然历史博物馆（MNHN），该物种由Alphonse Milne-Edwards于1897年进行分类描述。最初，这一物种应命名为*Rhinopithecus souliei*，但后来改为*Rhinopithecus bieti*，以纪念当时的主教Félix Biet，这是Soulié的上级。自那以后，科学界对滇金丝猴的关注几乎停止，直到20世纪70年代末，中国研究人员开始重新调查15个已知的群体。分子生物学技术现已使我们能够利用博物馆收藏的标本古DNA，通过放大其DNA片段（如微卫星）确定标本的地理来源或可能的亲缘关系。我们首先从MNHN标本的牙髓中提取DNA，并放大了一些微卫星标记。尽管现代样本和标本可分为两个主要的线粒体DNA谱系，但多个标本中的单倍型在文献中未见报道，表明其稀有，甚至在现有种群中可能已消失。这种多样性差异在核DNA中也有所体现（Afonso等，未发表）。

因此，我们需要精确定位这些标本的地理位置，以将其遗传特征与现代种群进行比较。我们利用了标本底座上的铭文、Rode（1938）在其类型标本目录中的记录以及一些传教士的传记。经过三年的努力，我们克服了当时地名拼写不规范的问题，最终确定了MNHN标本的地理位置以及滇金丝猴过去和现在的分布情况（见图2）。结果显示，MNHN的标本与当前的第5、6和7组群体相对应。

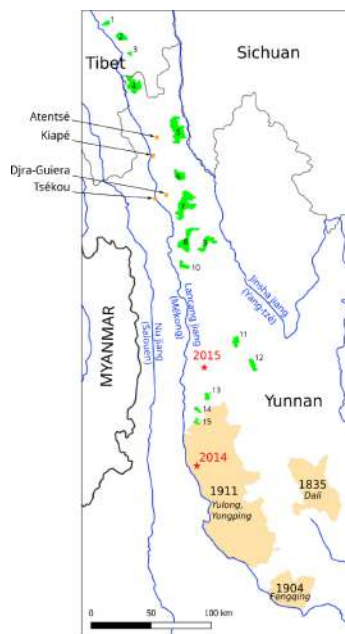


图2. 滇金丝猴的历史和现存分布

米黄色区域表示物种消失的县，标注了古文献中的观察日期（Li等，2002）。绿色区域表示已知的15个现代群体（Wong等，2013），红色星星表示新近发现的小群体及发现年份（Wang等，2019）。橙色圆圈指示除Cigu（茨姑，98.9°E 28°N）外的地点，这些地方是1895年Jean-André Soulié采集到模式标本和副模式标本的地点，后由巴黎国家自然历史博物馆进行分类描述（Milne-Edwards 1897；Rode 1938）。



重新连接孤立群体

在更新世期间，仰鼻猴属在整个亚洲广泛分布。青藏高原的隆升以及三大河流（萨尔温江、湄公河、长江）的分隔，导致了一系列从原始物种到新物种的分化，这一过程大约发生在100至200万年前。然而，在全新世期间，环境变化，特别是冰川作用，导致栖息地破碎化，造成种群规模减少，尤其是在过去400年中，由于人类人口增长和农业扩张而加剧。滇金丝猴在灵长类动物中表现出最低的杂合度（Kuang等，2023）。此外，Liu等（2009）的研究显示，滇金丝猴群体间的遗传距离只有49%可以用地理距离解释，而36.2%可以用栖息地连接性的丧失解释，这主要由于人类活动，如自然森林被转为农田、高速公路的修建和人类居住地的扩展。

因此，我们的研究团队致力于计算农业扩张带来的走廊阻断，并重建这些走廊以促进群体间的交流。通过基于栖息地分布的初步研究，我们建立了群体间的最低成本路径（Li等，2014）。随后，利用图论和Graphab软件（Foltête等，2021），我们对重建路径提升网络整体连接性的效果进行了模型化研究（Clauzel等，2015；Li等，2017）。总的来说，我们通过基于栖息地分布和滇金丝猴移动潜力的模型，评估了增加栖息地对网络整体连接性的影响，最终确定了栖息地变化最有可能对群体间交流产生重要影响的区域（见图3）。

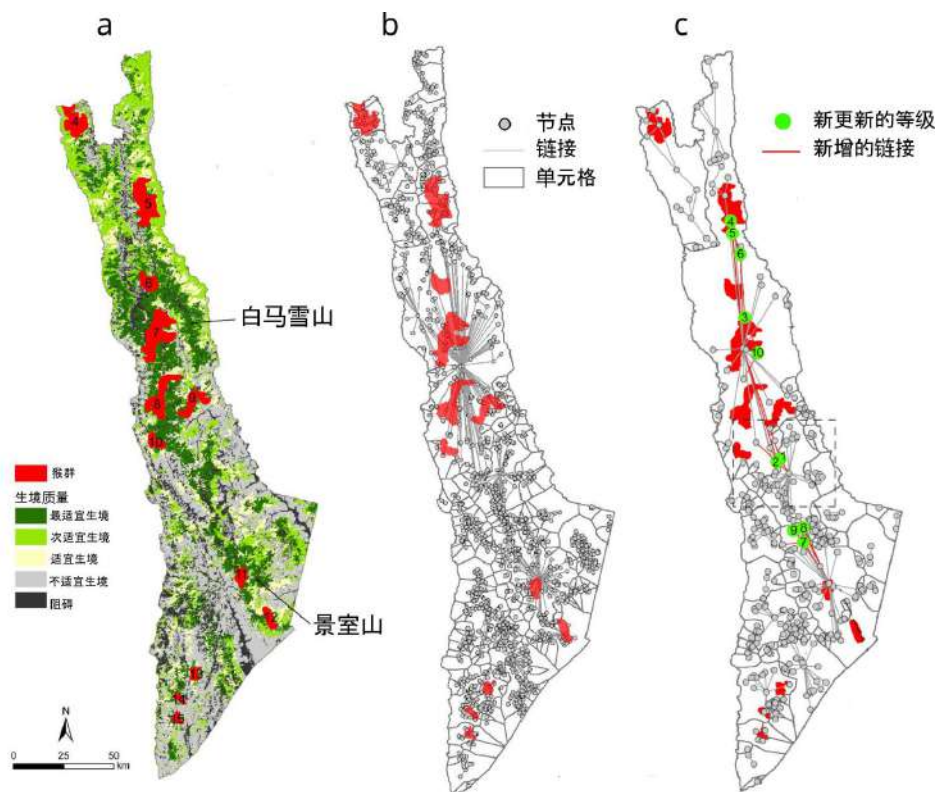


图3. 根据Li等（2017）研究的区域和连接性模型。

a: 云南省内猴子群体和栖息地质量的分布；b: 网络模型示例：节点表示最优栖息地斑块，连接距离为猴子在适宜栖息地内的平均扩散距离，格网表示猴子每日移动过程中连接的栖息地，考虑了栖息地对该物种的“渗透性”；c: 十个“最佳”恢复区域的定位，这些区域重建后将最大限度提高网络整体连接性。

响古管的喂养群体

第9组滇金丝猴位于白马雪山国家级自然保护区南部，估计有300至400只猴子，分布在海拔2500至4000米的约83平方公里范围内（见图2）。自2008年以来，在响古管村（27.638°N 99.367°E）附近，约有50只猴子习惯于在游客面前喂食，这是物种保护教育项目的一部分。猴子可以自由移动，并与其余种群交流。

每天早晨，猴子会被呼唤（通过吹口哨），并在游客面前投喂其主要食物——地衣。游客与猴子之间用绳子隔离，禁止游客自行喂食猴子（见图4）。此外，警卫会强力驱赶靠近绳子边界的猴子。为了模拟自然觅食的移动，喂养点每2-3天移动几百米。

这种管理方式不仅确保了猴子的健康与安全，还能有效地向游客宣传物种保护的重要性，并提供一种与野生动物互动的独特体验。这种方法有助于提高公众的环保意识，同时促进了滇金丝猴的保护和研究工作。



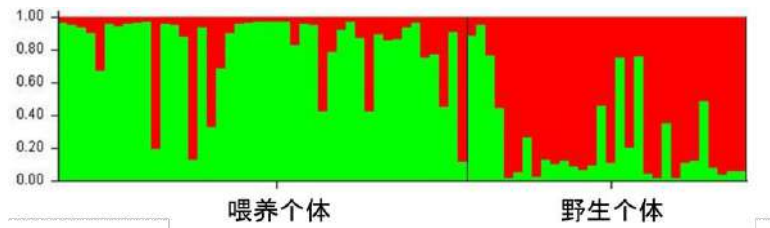


图4. 游客观察滇金丝猴喂食。红色箭头指向不允许游客越过的绿色绳子。

我们的研究基于非侵入性方法，通过分析粪便中的DNA，旨在确定自由活动的动物喂养对种群遗传结构和病原体传播的影响。研究的病原体为阿米巴原虫。我们从喂养区和远离喂养区的“野生”个体的91个粪便样本中提取DNA，使用10个微卫星标记进行分析（Afonso等，2021b）。在84个粪便样本中获得了一致的基因分型，显示了74个个体，其中44个为喂养个体，30个为野生个体。利用贝叶斯统计方法，不考虑等位基因频率分布，发现第9组滇金丝猴分为两个遗传群体，其等位基因频率有所不同。根据分配概率，喂养个体大多属于一个群体，而野生个体则属于另一个群体（见图5）。根据选择的分配阈值，部分个体可能属于两个群体之间的遗传混合。

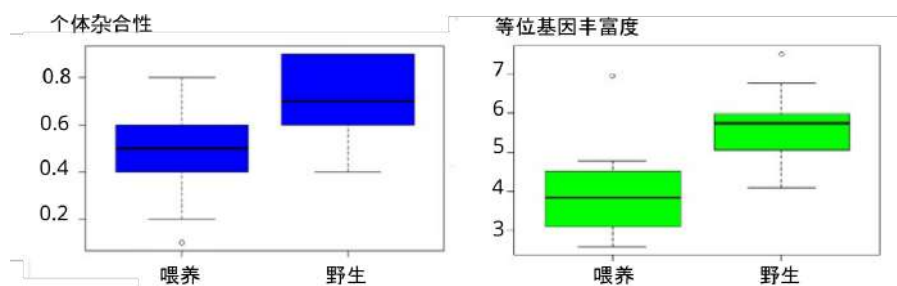


图5. 使用STRUCTURE软件比较喂养和野生个体的遗传结构

横轴每个条代表一个个体；纵轴表示个体属于某遗传群体的概率。两个群体分别用绿色和红色表示，分别对应喂养和野生个体。

喂养和野生子群体之间的遗传差异

喂养和野生子群体之间的遗传差异令人惊讶：尽管差异不大，但比几个几十公里外的子群体之间的差异更大。人为干预以创建喂养子群体的影响似乎超过了地理距离和/或景观碎片化的影响。此外，多种杂合度标记表明喂养子群体遗传多样性丧失（等位基因丰富度较低、杂合过剩、亲缘关系系数较高）（Afonso等，2021b）。



图6. 比较喂养和野生个体的遗传多样性标记

喂养点位于响古管村几百米外，同时也是村民放牧牛和猪的地方（见图7）。我们还发现猪会食用滇金丝猴的粪便（Fu等，2018）。喂养点的位置使其成为村庄与周围山脉之间病原体传播的潜在中介。



我们研究了Entamoeba属的阿米巴原虫。这些寄生虫定殖在宿主的消化道，并在传染到新宿主前经历一个自由环境阶段。通过扩增所有Entamoeba物种共有的DNA区域（如18S rDNA基因），并对每个阳性样本进行大规模DNA测序，我们筛选并鉴定了粪便中的物种。在相同的粪便样本中，我们分析了滇金丝猴的阿米巴原虫感染情况。

结果显示，喂养子群体的阿米巴原虫感染率很高，89%的个体粪便中检测到至少一种Entamoeba DNA，显著高于野生子群体的33%。基于这一发现，我们系统地采集了响古管村的猪、牛、鸡和狗的粪便样本，以及两个公共厕所的粪便样本，以进一步研究病原体的传播路径和潜在风险。

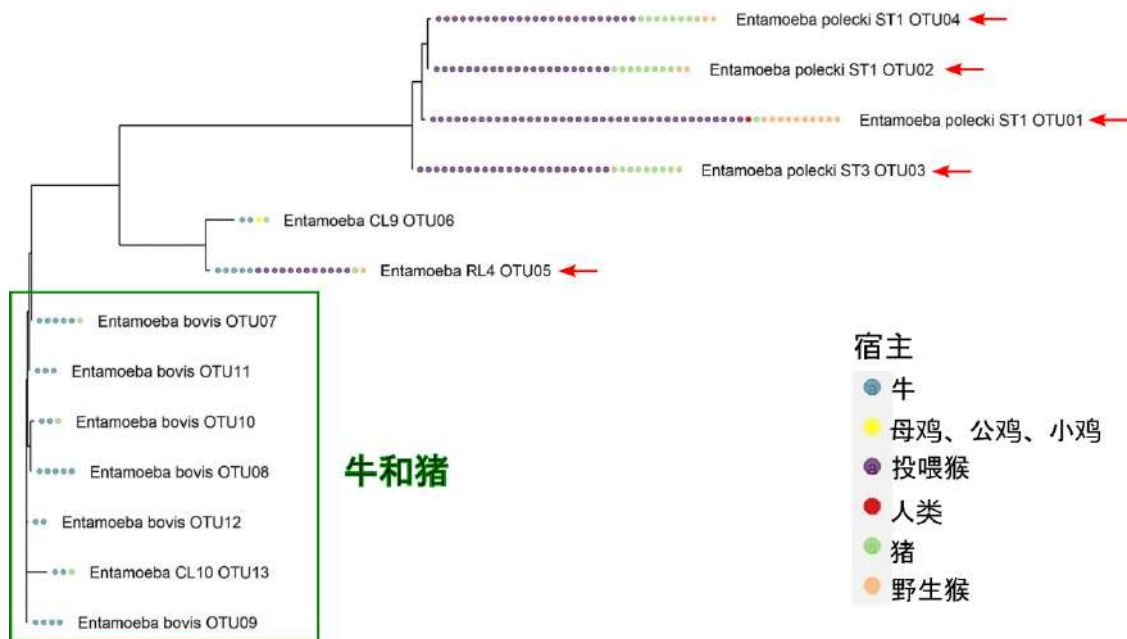


图8展示了13个OTU（操作分类单元）的Entamoeba在65个粪便样本中的阳性率和宿主谱。红色箭头指示在猴子中发现的OTUs，所有这些OTUs都与一种或多种家畜共享。值得注意的是，Entamoeba bovis在猴子中未被检测到，而Entamoeba polecki和一个未描述的OTU则被检测到。在所有宿主中，我们检测到13种不同的DNA序列（操作分类单元，OTU），它们都可以分配给某种Entamoeba物种或谱系（见图8）。红色箭头指示在猴子中发现的OTUs，所有这些OTUs都与一种或多种家畜共享。值得注意的是，Entamoeba bovis在猴子中未被检测到，而Entamoeba polecki和一个未描述的OTU则被检测到（CL9和RL4）。此外，研究发现个体离家畜越近，其粪便中发现寄生虫的几率越大（见图9）。

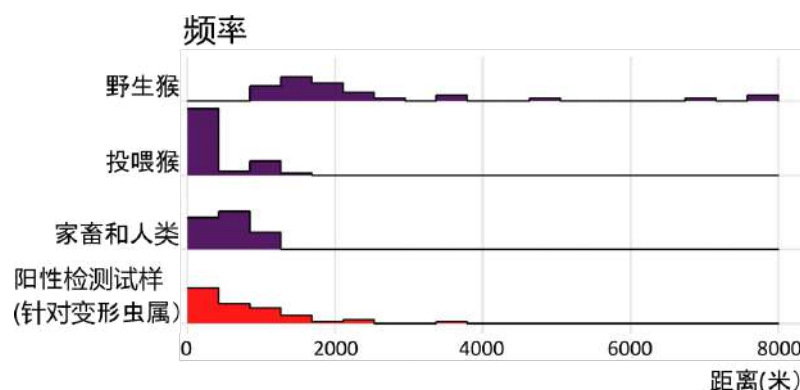


图9. 根据与人类和家畜集中区的距离，收集的不同宿主的粪便位置和检测到Entamoeba DNA（Entamoeba spp. 阳性）的样本分布

此图展示了不同宿主的粪便样本位置与Entamoeba DNA阳性样本的分布情况，基于与人类和家畜集中区的距离进行比较。



最后，我们发现个体的杂合度越高，其感染寄生虫的几率越低（见图10）。

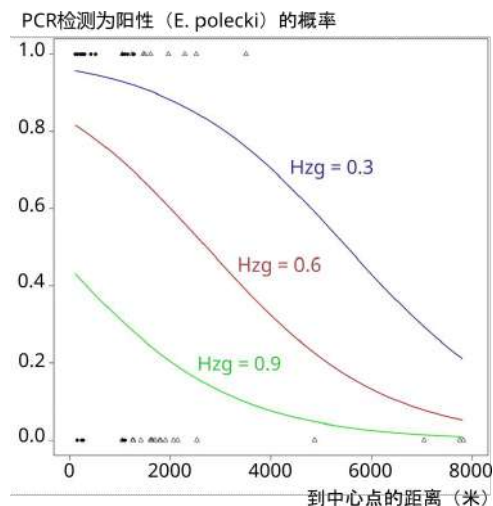


图10.根据杂合度 (Hzg) 和家畜粪便收集区中心点距离的二项模型 (Afonso等, 2021a)。黑色三角表示喂养个体的粪便样本, 白色三角表示野生个体的粪便样本。

结论

响古管管理的有效性

与其他地方和其他物种的喂养管理相比, 响古管的管理具有明显的有效性。每天的游客数量有限 (高峰期从几十人到一百多人), 需要提前注册。相比之下, 其他一些地点每天有数千甚至数万游客与猴子互动, 如某些保护区内的川金丝猴观察点或某些寺庙附近的藏酋猴或猕猴。

动物旅游喂养的影响

在响古管, 游客与猴子的直接接触被明确的边界 (绳索) 阻止, 禁止游客喂食猴子和其他互动行为。猴管员确保人类和猴子都遵守规定。喂养时间每天不超过一小时至一个半小时, 之后游客被要求离开喂养点。猴子随后返回树上, 自由活动, 直到夜间, 整个活动区域没有任何限制。此外, 每2-3天喂养点会移动几百米。尽管采取了这些措施, 研究结果显示动物旅游喂养具有双重影响。喂养子群体可能由于创始效应和小规模而表现出遗传多样性丧失。在引入新个体的模拟中, 这种转移无法持久恢复喂养子群体的遗传多样性 (Afonso等, 2021b)。

病原体传播的潜在风险

此外, 放牧区与喂养点的重叠增加了病原体在系统中的传播, 特别是一些阿米巴原虫, 其致病性尚不明确。将此类系统研究扩展到其他潜在病原体 (如细菌、病毒、蠕虫和其他原虫) 是必要的。为了限制这种传播, 可以通过将放牧区和喂养区分开, 但这种分离可能会在牧民 (需要这些牧场) 和猴群管理者 (包括一些本地人) 之间引发巨大的空间共享问题。

野生动物旅游的社会经济利益

这些缺点需要与野生动物旅游对当地社区的社会经济利益进行权衡。旅游收入足以支持猴管员 (其中一些是前捕猎者) 限制偷猎行为。此外, 一个救护中心每年收养并释放多只受伤的猴子。喂养子群体的建立可能是改善当地社区生活条件和资助研究与保护项目的代价, 使其成为中国的国家保护事业之一。旅游还能够显著提高公众对保护该物种及其栖息地的意识, 这些栖息地具有独特的生态价值和生物多样性。

总体而言, 物种的整体保护利益远远超过第9猴群 (分布图中的第9个猴群) 中约50个“固定”个体的管理成本。第9猴群的数量估计在300至400个个体之间。

参考

- Afonso E, Callou C, Clauzel C, Giraudoux P, Li L. Conservation du rhinopithèque de Biet. In : Giraudoux P, éditeur. Socio-écosystèmes [Internet]. Londres : ISTE - Sciences ; 2022. p. 225-58.
- Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goyadin A-C, Yu Z, Callou C, et al. Feeding sites promoting wildlife-related tourism might highly expose the endangered Yunnan snub-nosed monkey (*Rhinopithecus bieti*) to parasite transmission. Sci Rep. 2021a;



11(1) : 15817. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95166-5>

• Afonso E, Fu R, Dupaix A, Goydadin A-C, Yu Z, Li D, *et al.* Creating small food-habituated groups might alter genetic diversity in the endangered Yunnan snub-nosed monkey. *Global Ecology and Conservation*. 2021b ; 26 : e01422. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01422>

• Clauzel C, Xiqing D, Gongsheng W, Giraudoux P, Li L. Assessing the impact of road developments on connectivity across multiple scales: Application to Yunnan snub-nosed monkey conservation. *Biological Conservation*. 2015 ; 192 : 207-17. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2015.09.029>

• Foltête J-C, Vuidel G, Savary P, Clauzel C, Sahraoui Y, Girardet X, *et al.* Graphab: An application for modeling and managing ecological habitat networks. *Software Impacts*. 2021 ; 8 : 100065. <https://doi.org/10.1016/j.simpa.2021.100065>

• Fu R, Li L, Afonso E, Yu ZH, Giraudoux P. Spatial and temporal distribution of Yunnan snub-nosed monkey, *Rhinopithecus bieti*, indices. *Mammalia*. 2018 ; 83(2) : epub. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2017-0168>

• Kuang W, Zinner D, Li Y, Yao X, Roos C, Yu L. Recent Advances in Genetics and Genomics of Snub-Nosed Monkeys (*Rhinopithecus*) and Their Implications for Phylogeny, Conservation, and Adaptation. *Genes*. 2023 ; 14(5) : 985. <https://doi.org/10.3390/genes14050985>

• Li B, Pan R, C.E. O. Extinction of snub-nosed monkeys in China during the past 400 years. *Internat Journal of primatology*. 2002 ; 23(6) : 1227-44.

• Li L, Xue Y, Wu G, Li D, Giraudoux P. Potential habitat corridors and restoration areas for the black-and-white snub-nosed monkey *Rhinopithecus bieti* in Yunnan, China. *Oryx*. 2014 ; 49(4) : 719-26.

<https://doi.org/10.1017/s0030605313001397>

• Li W, Clauzel C, Dai Y, Wu G, Giraudoux P, Li L. Improving landscape connectivity for the Yunnan snub-nosed monkey through cropland reforestation using graph theory. *Journal for Nature Conservation*. 2017 ; 38 : 46-55. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2017.06.002>

• Liu ZJ, Ren BP, Wu RD, Zhao L, Hao YL, Wang BS, *et al.* The effect of landscape features on population genetic structure in Yunnan snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) implies an anthropogenic genetic discontinuity. *Molecular Ecology*. 2009 ; 18(18) : 3831-46.

<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04330.x>

• Milne-Edwards MA. Note sur une nouvelle espèce du genre *Rhinopithecus* provenant de la Haute Vallée du Mékong. *Bull Mus Hist Nat Paris*. 1897 ; 5 : 156-60.

• Quan RC, Ren GP, Behm JE, Wang L, Huang Y, Long YC, *et al.* Why Does *Rhinopithecus bieti* Prefer the Highest Elevation Range in Winter? A Test of the Sunshine Hypothesis. *Plos One* [Internet]. 2011 ; 6(9).

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024449>

• Rode P. Catalogue des types de mammifères du Museum National d'Histoire Naturelle. Ordre des Primates, sous-ordre des Simiens. Vol. I. Paris : Museum National d'Histoire Naturelle ; 1938.

• Wang H, Xu H, Li Y, Xu Z, Ding W, Xiao W, *et al.* New distribution records for the endangered black-and-white snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus bieti*) in Yunnan, China. *fozo*. 2019 ; 68(2) : 79-85. <https://doi.org/10.25225/fozo.069.2019>

• Wong MHG, Li RQ, Xu M, Long YC. An integrative approach to assessing the potential impacts of climate change on the Yunnan snub-nosed monkey. *Biological Conservation*. 2013 ; 158 : 401-9.

<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.08.030>

