مقاله پژوهشی

ارمغان دانش، مجله علمی پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی یاسوج
دوره ۱۹، شماره۱۲، اسفند ۱۳۹۳(شماره پی در پی۹۵)

# تشخیص مولکولی ویروس تب هموراژیک کریمه-کنگو در گونه های کنه جمع آوری شده از دام های اهلی شهرستان مرودشت، استان فارس طی سالهای ۱۳۹۲-۱۳۹۱

فیروزه فرهادپور[۱]، زکیه تلمادره ای[۱*]، صادق چینی کار[۲]، کامران اکبرزاده[۱]، محمدرضا فکورزیبا[۲]، محمدجعفر مؤمن بالله فرد[۳]

[۱] گروه حشره شناسی پزشکی و مبارزه با ناقلین، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی و درمانی تهران، تهران ، ایران،[۲]آزمایشگاه آربوویروس‌ها و تب‌های هموراژیک ویروسی، انستیتو پاستور ایران، تهران، ایران،[۳]گروه حشره شناسی و مبارزه با ناقلین، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی و درمانی شیراز، شیراز، ایران

تاریخ وصول : ۱۳۹۳/۷/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۳/۱۰/۲۰

## چکیده

**زمینه و هدف**: تب هموراژیک کریمه ـ کنگو بیماری ویروسی سیستمیک بالقوه کشنده در انسان بوده که به وسیله گزش کنه منتقل می‌شود. در طبیعت ویروس ایجاد کننده در چرخه‌های انتقال عمودی و افقی بین کنه‌های ناقل و انواع مهره‌داران اهلی و وحشی حفظ شده و گردش می‌یابد. هدف از این مطالعه بررسی و تعیین میزان آلودگی ویروسی کنه‌های صید شده از دام‌های اهلی در شهرستان مرودشت، استان فارس بود.

**روش بررسی**: در این مطالعه مقطعی نمونه‌گیری از ۶ روستای مرودشت با انتخاب تصادفی صورت گرفت. در مجموع ۲۰۰ کنه(سخت و نرم) از گوسفند، بز و گاو جمع‌آوری شد. اطلاعات مربوط به نمونه‌گیری ثبت گردید. سپس کنه‌ها در شرایط مناسب از لحاظ رطوبت و دما به آزمایشگاه ارسال شده و با کلیدهای معتبر حشره‌شناسی شناسایی شدند. کنه‌ها جهت تعیین میزان آلودگی به ویروس تب هموراژیک کریمه- کنگو با روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز- رونوشت‌برداری معکوس مورد آزمایش قرار گرفتند.

**یافته‌ها**: ژنوم ویروس در ۴/۵ درصد(۹ نمونه) از جمعیت کنه‌های مورد مطالعه شناسایی شد. کنه‌های آلوده از دو جنس *هیالوما* و *ریپیسفالوس* بودند و شامل گونه‌های *هیالوما مارژیناتوم*، *هیالوما آناتولیکوم* و *ریپیسفالوس سانگوینئوس* بودند.

**نتیجه‌گیری**: با توجه به تأیید گردش عامل بیماری،ویروس تب هموراژیک کریمه ـ کنگو باید به عنوان یک مسئله مهم بهداشتی در این منطقه مدنظر قرار گیرد و اجرای منظم برنامه‌های نظارت و کنترل بر دام‌ها در جهت کاهش جمعیت و پراکندگی ناقل و آگاه‌سازی و آموزش به مشاغل پُرخطر ضروری است.

**واژه‌های کلیدی**: کنه، آربوویروس، هیالوما، تب هموراژیک

[*]**نویسنده مسئول**: **زکیه تلمادره‌ای**، تهران، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی و درمانی تهران، دانشکده بهداشت، گروه حشره‌شناسی و مبارزه با ناقلین

**Email:** telmadarraiy@tums.ac.ir

**مقدمه**

تب هموراژیک کریمه کنگو بیماری ویروسی مشترک بین انسان و دام است. عامل ایجاد کننده این بیماری، ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو، عضوی از خانواده بونیاویریده و جنس نایرو ویروس است که در گروه آربوویروس‌ها قرار دارد. این ویروس از گروه RNA ویروس‌ها می‌باشد. ژنوم ویروس‌های RNA دار شامل سه بخش است. بخش بزرگ(L) آن کد کننده پروتئین‌های غیرساختاری شامل پلی‌مراز RNA می‌باشد. بخش متوسط(M) و کوچک(S) کد کننده پروتئین‌های ساختاری به ترتیب برای گلیکو پروتئین‌های سطحی و برای نوکلئو کپسیدها می‌باشد(۲ و ۱).

ویروس مولد بیماری در چرخه‌های انتقال افقی و عمودی در بین کنه‌ها و طیفی از مهره‌داران اهلی و وحشی در حال گردش می‌باشد. مراحل نابالغ کنه‌ها ویروس را با خون‌خواری از پستانداران کوچک مانند: خرگوش، خارپشت و پرندگانی (که از زمین تغذیه می‌کنند) کسب می‌کنند(۳). در صورت خون‌خواری کنه‌های بالغ، پستانداران بزرگ‌تر مانند دام‌های اهلی را ترجیح می‌دهند (۴)؛ که در این طیف گسترده از میزبانان کنه‌ها تنها از انسان بیماری‌زایی شدید گزارش شده است(۵).

نحوه انتقال بیماری تب هموراژیک کریمه کنگو به انسان با گزش کنه آلوده، تماس با خون یا بافت دام‌های آلوده می‌باشد. هم‌چنین ویروس می‌تواند از شخصی به شخص دیگر انتقال یابد(۷ و ۶).

حضور و بقای کانون‌های مشترک انسان و دام در بیماری تب هموراژیک کنگو هم‌چون دیگر بیماری‌ها به ارتباط بیولوژی و اکولوژی بین سه ارگانیزم متفاوت ویروس، کنه و میزبان مهره‌دار وابسته است(۸).

بیماری تب هموراژیک کریمه کنگو نسبت به دیگر بیماری‌های ویروسی منتقله از طریق کنه دارای توزیع جغرافیایی وسیع‌تری می‌باشد و در حال حاضر در بیش از ۳۰ کشور از آفریقا، آسیا، شرق اروپا و خاورمیانه وجود دارد(۹).

در سال‌های اخیر بروز و محدوده جغرافیایی موارد تأیید شده انسانی تب هموراژیک کریمه کنگو افزایش یافته و از مناطق آندمیکی مانند؛ سنگال، موریتانی، کنیا، جنوب آفریقا، روسیه، قزاقستان، تاجیکستان، کوزوو، آلبانی، بلغارستان، یونان، پاکستان، افغانستان، ترکیه و ایران گزارش شده است(۱۰).

در ایران اولین بار آنتی‌بادی علیه ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو از نمونه دامی در سال ۱۹۷۰ گزارش شده است و در سال ۱۹۷۸ ویروس از کنه‌ها جداسازی شد(۱۱ و۶). اولین مورد بالینی بیماری در سال ۱۹۹۹ از استان چهارمحال و بختیاری در جنوب غربی ایران گزارش شد و پس از آن از سایر نقاط کشور گزارش شد و به عنوان یک مسئله مهم بهداشتی در کشور مطرح شد(۱۳ و۱۲).

در حال حاضر این بیماری در ۲۶ استان از ۳۱ استان ایران با نرخ کشندگی ۱۷/۶ درصد دیده شده

است که همچنان بیشترین موارد بیماری انسانی از استان‌های سیستان و بلوچستان، اصفهان، فارس، خراسان و خوزستان گزارش شده است(۱۴).

به دلیل وجود شرایط اقلیمی مناسب شهرستان مرودشت استعداد فراوانی در زمینه پرورش دام داشته و به عنوان یکی از قطب‌های مهم دامپروری استان، تعداد بسیار زیادی از جمعیت ساکن به این امور اشتغال دارند که این امر موجب تماس نزدیک بسیاری از ساکنین با دام‌ها می‌گردد.

با توجه به اهمیت شیوع بیماری در ایران و فقدان اطلاعات کافی در خصوص منطقه حاصلخیز مرودشت نسبت به وجود و ترکیب کنه‌ها و احتمال آلودگی آنها به ویروس، مطالعه حاضر به منظور تعیین میزان آلودگی کنه‌های جمع‌آوری شده از دام‌های اهلی(گوسفند، بز و گاو) به ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو در برخی روستاهای شهرستان مرودشت استان فارس صورت گرفته است.

**روش بررسی**

این یک مطالعه مقطعی می‌باشد که در سال ۱۹۹۳-۱۳۹۲ در استان فارس در جنوب غربی ایران و شهرستان مرودشت با مساحتی برابر ۳۶۸۷ کیلومتر مربع، ۳/۸ درصد از مساحت استان را شامل می‌شود، انجام گرفت. این شهرستان در محدوده جغرافیایی ۵۲ درجه تا ۵۳ درجه و ۳۶ دقیقه طول شرقی و ۲۹ درجه و ۳۹ دقیقه تا ۳۰ درجه و ۳۷ دقیقه عرض شمالی واقع شده است. ارتفاع شهرستان از سطح دریا ۱۶۲۰ متر می‌باشد و با فاصله ۴۵ کیلومتری از شهرستان شیراز در ضلع شمالی استان فارس قرار دارد.

آب و هوای شهرستان در نواحی کوهستانی شمالی سردسیر و در سایر نواحی نیمه معتدل با زمستان‌های نسبتاً بارانی و معتدل و تابستان‌های گرم و خشک می‌باشد. میزان حرارت متوسط سالانه ۱۶/۷ درجه، حداقل درجه حرارت ۷/۵- درجه و حداکثر آن ۴۲/۵+ درجه سانتی‌گراد است.

در مجموع تعداد ۲۰۰ کنه(شامل ۱۹۴ کنه سخت و ۶ کنه نرم) از روی دام‌های اهلی (گوسفند، بز و گاو) متعلق به دامداری‌ها از ۶ روستای (درودزن، چهارطاق، گلمکان، فیروزی، عزآباد و سلطان ولایت) تصادفی انتخاب و جمع‌آوری شد. کنه‌ها با روش هندکچ و استفاده از پنس با دقت از روی بدن دام ها به طوری که به کنه‌ها آسیب نرسد، جدا شدند. اندازه نمونه شامل تمام کنه‌های صید شده در دوره زمانی فوق بود. کنه‌های جمع‌آوری شده از روی هر دام در لوله‌های دارای کد قرار داده شد و با حفظ شرایط مربوط به رطوبت و دما به آزمایشگاه حشره‌شناسی منتقل شدند و با استفاده از استریومیکروسکوپ و کلیدهای معتبر آکارولوژی در حد گونه مورد شناسایی قرار گرفتند(۱۵ و ۱). سپس کنه‌های شناسایی شده به آزمایشگاه آربوویروس‌ها و تب‌های هموراژیک ویروسی، برای تعیین هویت ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو با روش یک مرحله‌ای واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز منتقل شدند.

درآزمایشگاه مولکولی هر کدام از نمونه‌های زنده کنه به طور جداگانه دوبار با بافر فسفات سالین (pH=۷/۴) شستشو داده شد، سپس جسم کنه‌ها با پستل در ۳۰۰ میکرولیتر از این بافر له شد. در ادامه بر طبق دستورالعمل کیت(RNA Easy QIAGEN آلمان) کار استخراج صورت گرفت. سپس RNA استخراج شده درآب فاقد Rnase حل شد و تا موقع استفاده در ۷۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با رونوشت برداری معکوس(RT-PCR)[۱] بر اساس روش یک مرحله‌ای، با استفاده از کیت QIAGEN آلمانی طبق پروتکل انجام شد. در هر واکنش PCR، ۵ میکرولیتر از RNA استخراج شده و ۱ میکرولیتر از آغازگرهای اختصاصی جلودار با توالی 5'TGGACACCTTCACAAACTC3' و عقب دار دارای توالی 5'GACAATTCCCTACACC3' جهت جداسازی قطعه S ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو اضافه شد. در مرحله نهایی ۵ میکرولیتر از محصول PCR با ۱ میکرولیتر لودینگ بافر ترکیب شد و الکتروفورزیس بر مبنای ژل آگاروز ۱/۵ درصد انجام شد. باندهای DNA با اتیدیوم بروماید رنگ‌آمیزی و با استفاده از دستگاه تابش ماورای بنفش تشخیص داده شد(۱۶ و۷).

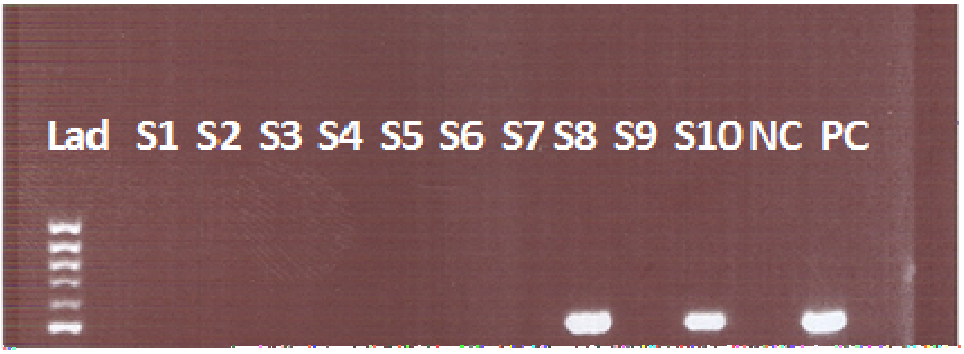
**یافته‌ها**

تعداد ۲۰۰ کنه جمع‌آوری شد که از دو خانواده کنه سخت و کنه نرم بودند. ۳ جنس *ریپیسفالوس* ۵۰ درصد، *هیالوما* ۴۳/۵ درصد، *همافیزالیس* ۳/۵ درصد از خانواده کنه سخت و جنس *اورنیتودوروس* ۳ درصد از خانواده کنه نرم بودند که در ۱۰ گونه قرار گرفتند و گونه‌های *ریپیسفالوس سانگوینئوس* ۵۰ درصد، *هیالوما آناتولیکم* ۲۶ درصد، *هیالوما مارژیناتوم* ۸ درصد، *هیالوما آسیاتیکوم* ۵/۵ درصد، *هیالوما درومداری* ۳ درصد، *هیالوما*(گونه‌ای از *هیالوما* که قابل شناسایی نبود) ۱ درصد، *همافیزالیس سولکاتا* ۱/۵ درصد، *همافیزالیس ارینا*سه ۱/۵ درصد و *همافیزالیس اینرمیس* ۰/۵ درصد و *اورنیتودوروس کنستریني* ۳ درصد فراوانی را به خود اختصاص دادند(جدول ۱).

ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو در ۴/۵ درصد (۹ نمونه) از جمعیت کنه‌های مورد مطالعه شناسایی شد (تصویر ۱). گونه‌های آلوده شامل *هیالوما مارژیناتوم* ۱۲/۵ درصد، *هیالوما آناتولیکوم* ۵/۷ درصد و *ریپیسفالوس سانگوینئوس* ۴٪ آلودگی را به ترتیب به خود اختصاص دادند و گونه های *هیالوما آسیاتیکوم*، *هیالوما درومداری*، *هیالوما*، *همافیزالیس سولکاتا*، *همافیزالیس ارینا*سه، *همافیزالیس اینرمیس* و *اورنیتودوروس کنستریني* به ویروس آلوده نبود که بدون احتساب ۶ عدد کنه نرم میزان آلودگی کنه سخت (۱۹۴ عدد) به ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو ۴/۶۳ درصد بود. همچنین نتایج مولکولی نشان داد که ژنوم ویروس در ۴/۲ درصد کنه‌های جمع‌آوری شده از گوسفندان و در ۳/۳ درصد کنه‌های جمع‌آوری شده از بز و در ۱۶/۶ درصد کنه‌های جمع آوری شده از گاو مثبت می‌باشد.

جدول۱: فراوانی نسبی کنه‌های جدا شده و موارد مثبت ویروس تب هموراژیک کنگو از دام‌های اهلی شهرستان مرودشت

| نام گونه / میزبان | گوسفند آلوده به کنه | | بز آلوده به کنه | | گاو آلوده به کنه | | تعداد کل | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | تعداد آزمایش شده (درصد) | تعداد مواردCCHF (درصد) | تعداد آزمایش شده (درصد) | تعداد مواردCCHF (درصد) | تعداد آزمایش شده (درصد) | تعداد مواردCCHF (درصد) | تعداد آزمایش شده (درصد) | تعداد مواردCCHF (درصد) |
| *ریپیسفالوس سانگوینئوس* | ۷۵(۴۵/۷) | ۳(۱/۸) | ۲۵(۸۳/۳) | ۱(۳/۳) | – | – | ۱۰۰(۵۰) | ۴(۲) |
| *هیالوما آناتولیکوم* | ۴۲(۲۵/۶) | ۲(۱/۲) | ۴(۱۳/۳) | – | ۶(۱۰۰) | ۱(۱۶/۶) | ۵۲(۲۶) | ۳(۱/۵) |
| *هیالوما مارژیناتوم* | ۱۶(۹/۸) | ۲(۱/۲) | – | – | – | – | ۱۶(۸) | ۲(۱) |
| *هیالوما آسیاتیکوم* | ۱۱(۶/۷) | – | – | – | – | – | ۱۱(۵/۵) | – |
| *هیالوما درومداری* | ۶(۳/۷) | – | – | – | – | – | ۶(۳) | – |
| *هیالوما* (گونه ناشناس) | ۱(۰/۶) | – | ۱(۳/۳) | – | – | – | ۲(۱) | – |
| *همافیزالیس سولکاتا* | ۳(۱/۸) | – | – | – | – | – | ۳(۱/۵) | – |
| *همافیزالیس اریناسه* | ۳(۱/۸) | – | – | – | – | – | ۳(۱/۵) | – |
| *همافیزالیس اینرمیس* | ۱(۰/۶) | – | – | – | – | – | ۱(۰/۵) | – |
| *اورنیتودروس کنسترینی* | ۶(۳/۷) | – | – | – | – | – | ۶(۳) | – |
| تعداد کل | ۱۶۴(۱۰۰) | ۷(۴/۲) | ۳۰(۱۰۰) | ۱(۳/۳) | ۶(۱۰۰) | ۱(۱۶/۶) | ۲۰۰(۱۰۰) | ۹(۴/۵) |




**تصویر ۱: نتایج RT-PCR مربوط به بخش S ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو S1-S10 نمونه‌های کنه، (S1، S2، S3، S4، S5، S7و S10 )؛ نمونه‌های منفی، (S8 و S10): نمونه‌های مثبت طول باندهای مثبت ۵۳۶ جفت باز، PC: کنترل مثبت، NC: کنترل منفی، Lad: مارکر ۱۰۰ جفت باز**

**بحث**

مطالعه حاضر نشان داد که با تأئید ژنوم ویروس تب خونریزی دهنده کریمه کنگو از کنه آلوده، منطقه مرودشت را می‌توان به عنوان یکی از نقاط داغ با پتانسیل انتقال عفونت ویروس مربوطه در میان دام‌های اهلی معرفی نمود. گرچه کنه‌های جنس *هیالوما* ناقل و مخزن انتشار ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو می‌باشند، اما ویروس از دیگر جنس‌های کنه نیز جداسازی شده است(۱۷) که مؤید نتایج مطالعه حاضر است. سه گونه کنه(دو گونه از *هیالوما مارژیناتوم* و *هیالوما آناتولیکوم* و یک گونه از کنه قهوه‌ای سگ یا *رییپسفالوس سانگوینئوس*) که با کمک فنآوری RT-PCR ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو را دارا بوده، به طور طبیعی از سُم‌داران آلوده به کنه در منطقه مرودشت صید گردیده‌اند. تاکنون گزارش مستندی از این منطقه در خصوص آلودگی طبیعی با آربوویروس تب هموراژیک کریمه کنگو ارایه نشده است.

در بررسی حاضر میزان آلودگی کنه‌ها به ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو ۴/۵ درصد بود و نمونه‌های مثبت شامل گونه‌های جنس *هیالوما* ۲/۵ درصد و *رییپسفالوس سانگوینئوس* ۲ درصد می‌باشد، گرچه کنه‌های گونه جنس *هیالوما* ۴۳/۵ درصد فراوانی و گونه *رییپسفالوس سانگوینئوس* ۵۰ درصد فراوانی را به خود اختصاص داده‌اند. کنه قهوه‌ای سگ یا *رییپسفالوس سانگوینئوس* تاکنون از کشورهای بلغارستان، ترکیه و ایران(استان همدان) گزارش گردیده که ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو را دارا می‌باشد(۱۸).

در تحقیق مربوط به شهرستان بهار استان همدان میزان آلودگی کنه‌ها به ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو ۱۱/۳ درصد گزارش شد و کنه‌های مثبت شامل گونه‌های جنس *هیالوما* با ۶/۸ درصد آلودگی، گونه‌های جنس *رییپسفالوس* با ۲/۶ درصد آلودگی و گونه *همافیزالیس* با ۱/۱ درصد آلودگی بوده است. در این مطالعه گونه‌های جنس *هیالوما* ۴۸/۸۶ درصد، گونه‌های جنس *رییپسفالوس* ۲۶/۱۳ درصد و *همافیزالیس* ۱/۱ درصد فراوانی را به ترتیب به خود اختصاص داده است(۱۹).

در مطالعه دیگر در استان گلستان در شمال ایران، میزان آلودگی کنه‌ها به ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو ۵/۵ درصد گزارش شده است و کنه‌های مثبت شامل گونه‌های جنس *هیالوما* ۴/۶ درصد و *رییپسفالوس سانگوینئوس* ۰/۷ درصد می‌باشد که در این مطالعه نیز تنها جنس و گونه آلوده به ویروس به جز جنس *هیالوما*، *رییپسفالوس سانگوینئوس* بوده(۲۰).

در مطالعه مربوط به منطقه زاهدان در استان سیستان و بلوچستان ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو در ۴/۳ درصد جمعیت کنه‌های مورد مطالعه شناسایی شد و کنه‌های مثبت از جنس‌های *همافیزالیس* و *هیالوما* گزارش شده است(۱۷). در مطالعه صورت گرفته در استان یزد در مرکز ایران ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو در ۵/۷۱

درصد جمعیت کنه‌های مورد مطالعه شناسایی شد و کنه‌های مثبت شامل گونه‌های جنس *هیالوما* گزارش شد(۲۱).

## نتیجه‌گیری

با کمک تکنیک واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (RT-PCR) در شهرستان مرودشت وجود آلودگی به ویروس تب هموراژیک کریمه کنگو در میان سه گونه کنه سخت مورد تأئید قرار گرفت. با توجه به این که از زمان تشخیص اولین مورد عفونت انسانی در سال ۱۹۹۹ در ایران تا به امروز افزایش زیادی در موارد بیماری رخ داده است و استان فارس به عنوان یکی از استان های آندمیک تب هموراژیک کریمه کنگو در ایران مطرح است و از طرف دیگر با تأیید گردش ویروس در شهرستان مرودشت استان فارس طی این مطالعه، تب هموراژیک کریمه کنگو باید به عنوان یک مسئله بهداشتی مهم در این منطقه مورد نظر قرار گیرد و اجرای منظم برنامه های کنترل و نظارت بر دام‌ها در جهت کاهش جمعیت و پراکندگی ناقل و آگاه‌سازی و آموزش مشاغل پرخطر و جدی گرفتن دستورالعمل‌های کنترل عفونت بیمارستانی ضروری به نظر می‌رسد.

## تقدیر و تشکر

این مطالعه حاصل پایان نامه کارشناسی ارشدبه مصوب دانشگاه بود که حمایت مالی دانشگاه علوم پزشکی تهران انجام شد.

**REFERENCES**

1.Hoogstraal H. The epidemiology of tick-borne Crimean-Congo hemorrhagic fever in Asia, Europe, and Africa. J Med Entomol 1979; 15: 307-14.
2.Whitehouse CA. Crimean–Congo hemorrhagic fever. Antiviral Res 2004; 64(3): 145-60.
3.Bente DA, Forrester NL, Watts DM, McAuley AJ, Whitehouse CA, Bray M. Crimean-Congo hemorrhagic fever: History, epidemiology, pathogenesis, clinical syndrome and genetic diversity. Antiviral Res 2013; 100: 159-89.
4.Albayrak H, Ozan E, Kurt M. Serosurvey and molecular detection of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus (CCHFV) in northern Turkey. Trop Animal Health Prod 2012; 44(7): 1667-71.
5.Nuttall PA. Crimean-Congo haemorrhagic fever. In: The Encylopedia of Arthropod-Transmitted Infections of Man and Domesticated Animals. Service MV(editor). London: CABI Publishing; 2001; 126-32.
6.Sureau P, Klein J, Casals J, Digoutte J, Salaun J, Piazak N, Calvo M. Isolation of Thogoto, Wad medani, Wanowrie and Crimean-Congo hemorrhagic fever viruses from ticks of domestic animals in Iran. Ann Virol (Inst Pasteur) 1980; 131: 185-200.
7.Chinikar S, Shah-Hosseini N, Bouzari S, Jalali T, Shokrgozar MA, Mostafavi E. New circulating genomic variant of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Iran. Arch Virol 2013; 158(5): 1085-8.
8.Papa A, Velo E, Papadimitriou E, Cahani G, Kota M, Bino S. Ecology of the Crimean-Congo hemorrhagic fever endemic area in Albania. Vector-Borne Zoonotic Dis 2009; 9: 713-6.
9.Ergonul O. Crimean-Congo haemorrhagic fever. Lancet Infect Dis 2006; 6: 203-14.
10.Mostafavi E, Chinikar S, Moradi M, Bayat N, Meshkat M, Fard MK, et al. A case report of Crimean Congo hemorrhagic fever in ostriches in Iran. The Open Virol J 2013; 7: 81.
11.Chumako MP, Smironova SE. Detection of antibodies to CCHF virus in wild and domestic animals blood sera from Iran and Africa. Aktual Probl Virus Profilakt 1972; 2: 367-8.
12.Chinikar S. An overview of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran. Iran J Microbiol 2009; 1: 7-12.
13.Fakoorziba MR, Golmohammadi P, Moradzadeh R, Moemenbellah-Fard MD, Azizi K, Davari B, et al. Reverse transcription PCR-based detection of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus isolated from ticks of domestic ruminants in Kurdistan province of Iran. Vector-Borne and Zoonotic Dis 2012; 12(9): 794-9.
14.Keshtkar-Jahromi M, Ansari H, Mardani M, Holakouie-Naieni K. Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran. Antiviral Res 2013; 100: 20-8.
15.Janbakhsh B. A research review about ticks responsible for relapsing fever in Iran. J Faculty Health Instit Public Health Res 1957: 223-30.
16.Chinikar S, Ghiasi S, Hewson R, Moradi M, Haeri A. Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran and neighboring countries. J Clin Virol 2010; 47(2): 110-4.
17.Mehravaran A, Moradi M, Telmadarraiy Z, Mostafavi E, Moradi AR, Khakifrouz S, et al. Molecular detection of Crimean-Congo haemorrhagic fever (CCHF) virus in ticks from southeastern Iran. Ticks Tick-Borne Dis 2013; 4: 35-8.
18.Fakoorziba MR, Naddaf-Sani AA, Moemenbellah-Fard MD, Azizi K, Ahmadnia S, Chinikar S. First phylogenetic analysis of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus genome in a new natural tick-borne infection of *Rhipicephalus appendiculatus* (Acari: Ixodidae). Arch Virol 2015; (In Press).
19.Telmadarraiy Z, Moradi AR, Vatandoost H, Mostafavi E, Oshaghi MA, Zahirnia AH, et al. Crimean-Congo haemorrhagic fever: A seroepidemiological and Molecular survey in Bahar, Hamadan Province of Iran. Asian J Animal Vet Adv 2008; 3: 321-7.
20.Sarani M. Determine the distribution of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus infected hard ticks using geographic information system (GIS) technique in elected city in Golestan Province. Tehran, Iran: Tehran University of Medical Sciences; MSc thesis; 2010; 72-75 .
21.Yaser SA, Sadegh C, Zakkyeh T, Hassan V, Maryam M, Ali OM, et al. Crimean–Congo hemorrhagic fever: a molecular survey on hard ticks (Ixodidae) in Yazd province, Iran. Asian Pacific J Trop Med 2011; 4(1): 61-3.

**Armaghane-danesh, Yasuj University of Medical Sciences Journal (YUMSJ)**

**Original Article**

# Molecular detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) Virus in tick species collected from livestock in Marvdasht, Fars province during 2012-2013

**Farhadpour F[1], Telmadarraiy Z [2*], Chinikar S [1], Akbarzadeh K[3], Fakoorziba MR [3], MoemenbellahFard MD[3]**

[1]Department of Medical Entomology and Vector Control, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran, [2]National Reference Laboratory for Arboviruses and Viral Hemorrhagic Fevers, Pasture Institute of Iran, Tehran, Iran, [3]Department of Medical Entomology and Vector Control, Shiraz University of Medical Sciences, Shiraz, Iran

Received: 9 Sep 2014 Accepted: 10 Jan 2015

## Abstract

**Background & aim**: Crimean–Congo hemorrhagic fever (CCHF) is a potentially lethal systemic viral disease in human beings, which is transmitted by tick bites. In nature, the triggering virus is found in vertical and horizontal cycles between the tick vectors and different species of domestic and wild vertebrates which are circulated and maintained. The purpose of this study was to determine the viral infection were collected from livestock ticks in the Marvdasht, Iran.

**Methods:** In this cross sectional study, samples were randomly selected from 6 villages near marvdasht. A total of two hundred ticks (hard and soft) from sheep, goats and cattle were collected and the related information was recorded. Ticks were sent to the laboratory under appropriate conditions of humidity and temperature. They were identified to species level using valid entomological keys. The identified ticks were transferred to the National Reference Laboratory for Arboviruses. The Ticks infections were analyzed by Reverse Transcriptase-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) to detect CCHF virus genome.

**Results:** The results indicated that viral genotypes were present in at least 9 samples (4.5%) of the studied tick population. The infected ticks belonged to *Hyalomma marginatum, Hyalomma anatolicum* and *Rhipicephalus sanguineus*.

**Conclusion:** Due to confirming the cycle of the virus, it can be mentioned that CCHF has recently emerged as an important public health problem in this region and systematic performance monitoring and control programs to reduce the livestock population, distribution, inform and educate high-risk occupations of vectors is required.

**Keywords:** Tick, Arbovirus, *Hyalomma*, Hemorrhagic fever

[*]**Corresponding Author: Telmadarraiy Z**, Department of Medical Entomology and Vector Control, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran
**Email:** telmadarraiy@tums.ac.ir

**Please cite this article as follows:**
Farhadpour F, Telmadarraiy Z, Chinikar S, Akbarzadeh K, Fakoorziba MR, Moemenbellah Fard MD. Molecular detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) Virus in tick species collected from livestock in Marvdasht, Fars province during 2012-2013. Armaghane-danesh 2015; 19(12): 1049-1057.