

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

فیروزه فرهادپور^۱، زکیه تلمادره ای^{۲*}، صادق چینی کار^۳، کامران اکبرزاده^۱، محمدرضا فکورزیبا^۴، 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، آزمایشگاه آربوویروس ها و تب های هموراژیک ویروسی، انستیتو پاستور ایران، تهران، ایران، ^۲ 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 - کنگو بیماری ویروسی سیستمیک بالقوه کشنده در انسان بوده که به وسیله گزش کهنه منتقل می شود. در طبیعت ویروس ایجاد کننده در چرخه های انتقال عمودی و افقی بین کهنه های ناقل و انواع مهره داران اهلی و وحشی حفظ شده و گردش می یابد. هدف از این مطالعه بررسی و تعیین میزان آلودگی ویروسی کهنه های صید شده از دام های اهلی در شهرستان مرودشت، استان فارس بود.

روش بررسی: در این مطالعه مقطعی نمونه گیری از ۶ روستای مرودشت با انتخاب تصادفی صورت گرفت. در مجموع ۲۰۰ کهنه (سخت و نرم) از گوسفند، بز و گاو جمع آوری شد. اطلاعات مربوط به نمونه گیری ثبت گردید. سپس کهنه ها در شرایط مناسب از لحاظ رطوبت و دما به آزمایشگاه ارسال شده و با کلیدهای معتبر حشره شناسی شناسایی شدند. کهنه ها جهت تعیین میزان آلودگی به ویروس تب هموراژیک کریمه-کنگو با روش واکنش زنجیره ای پلیمرز-رونوشت برداری معکوس مورد آزمایش قرار گرفتند.

یافته ها: ژنوم ویروس در ۴/۵ درصد (۹ نمونه) از جمعیت کهنه های مورد مطالعه شناسایی شد. کهنه های آلوده از دو جنس هیالوما و ریپیسفالوس بودند و شامل گونه های هیالوما مارژیناتوم، هیالوما آتاتولیکوم و ریپیسفالوس سانگوینئوس بودند.

نتیجه گیری: با توجه به تأیید گردش عامل بیماری ویروس تب هموراژیک کریمه - کنگو باید به عنوان یک مسئله مهم بهداشتی در این منطقه مدنظر قرار گیرد و اجرای منظم برنامه های نظارت و کنترل بر دام ها در جهت کاهش جمعیت و پراکندگی ناقل و آگاه سازی و آموزش به مشاغل پُرخطر ضروری است.

واژه های کلیدی: کهنه، آربوویروس، هیالوما، تب هموراژیک

* نویسنده مسئول: زکیه تلمادره ای، تهران، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی و درمانی تهران، دانشکده بهداشت، گروه حشره شناسی و مبارزه با ناقلین

Email: telmadarraiy@tums.ac.ir

مقدمه

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 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 کنگو افزایش یافته و از مناطق آندمیک 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 کنگو از نمونه دامی در سال ۱۹۷۰ گزارش شده است و در سال ۱۹۷۸ ویروس از کنه‌ها جداسازی شد (۱۱ و ۶). 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 و ۱۲).

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

تب هموراژیک کنگو بیماری ویروسی مشترک بین انسان و دام است. عامل ایجاد کننده این بیماری، ویروس تب هموراژیک کنگو، عضوی از خانواده بونیوویریده 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 پلی‌مرز RNA می‌باشد. بخش متوسط (M) و کوچک (S) کد کننده پروتئین‌های ساختاری به ترتیب برای گلیکو پروتئین‌های سطحی و برای نوکلئو کپسیده 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 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).

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 کته (شامل ۱۹۴ کته سخت و ۶ کته نرم) از روی دام‌های اهلی (گوسفند، بز و گاو) متعلق به دامداری‌ها از ۶ روستای (دروذن، چهارطاق، گلکان، فیروزی، عزآباد و سلطان ولایت) تصادفی انتخاب و جمع‌آوری شد. کته‌ها با روش هندکچ و استفاده از پنس با دقت از روی بدن دام‌ها به طوری که به کته‌ها آسیب نرسد، جدا شدند. اندازه نمونه شامل تمام کته‌های صید شده در دوره زمانی فوق بود. کته‌های 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 کته‌های شناسایی شده به آزمایشگاه آربوویروس‌ها و تب‌های هموراژیک ویروسی، برای تعیین هویت ژنوم ویروس تب هموراژیک کریمه-کنگو با روش یک مرحله‌ای واکنش زنجیره‌ای پلی‌مران منتقل شدند.

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 کته‌ها و احتمال آلودگی آنها به ویروس، مطالعه حاضر به منظور تعیین میزان آلودگی کته‌های 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 ۱۳۹۲-۱۹۹۳ 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

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 آنتولیکوم 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 اریناسه ۱/۵ درصد و همافیزالیس اینرمیس ۰/۵ درصد و *اورنیتودوروس کنسترتینی* 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 آنتولیکوم ۵/۷ درصد و ریپیسفالوس سانگوینئوس ۴٪ آلودگی را به ترتیب به خود اختصاص دادند و گونه‌های هیالوما آسیاتیکوم، هیالوما درومداری، هیالوما، همافیزالیس سولکاتا، همافیزالیس اریناسه، همافیزالیس اینرمیس و *اورنیتودوروس کنسترتینی* 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 جمع‌آوری شده از گاو مثبت می‌باشد.

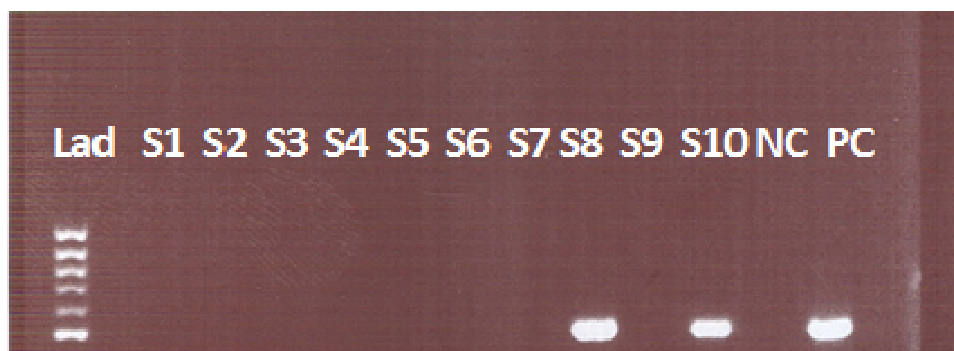
در آزمایشگاه مولکولی هر کدام از نمونه‌های زنده کنه به طور جداگانه دوبار با بافر فسفات سالین (pH=۷/۴) شستشو داده شد، سپس جسم کنه‌ها با پستل در ۳۰۰ میکرولیتر از این بافر له شد. در ادامه بر طبق دستورالعمل کیت (RNA Easy QIAGEN آلمان) کار استخراج صورت گرفت. سپس RNA استخراج شده در آب فاقد Rnase حل شد و تا 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 جلو دار با توالی 5'TGGACACCTTCACAAACTC3' و عقب دار دارای توالی 5'GACAATTCCTACACC3' 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 رنگ آمیزی و با استفاده از دستگاه تابش ماورای بنفش تشخیص داده شد (۱۶ و ۷).

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،

جدول ۱: 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 موارد CCHF شده (درصد)	تعداد موارد CCHF نشده (درصد)	تعداد موارد CCHF شده (درصد)	تعداد موارد CCHF نشده (درصد)	تعداد موارد CCHF شده (درصد)	تعداد موارد CCHF نشده (درصد)	
ریبیسفالموس سانگوینتوس	۷۵(۴۵/۷)	۳(۱/۸)	۲۵(۸۳/۳)	۱(۳/۳)	-	-	۴(۲)
هیالوما آنتولیکوم	۴۲(۲۵/۶)	۲(۱/۲)	۴(۱۳/۳)	-	۶(۱۰۰)	۱(۱۶/۶)	۳(۱/۵)
هیالوما مارژیناتوم	۱۶(۹/۸)	۲(۱/۲)	-	-	-	-	۲(۱)
هیالوما آسیاتیکوم	۱۱(۶/۷)	-	-	-	-	-	-
هیالوما درومداری	۶(۳/۷)	-	-	-	-	-	-
هیالوما (گونه ناشناس)	۱(۰/۶)	-	۱(۳/۳)	-	-	-	-
همافیزالیس سولکاتا	۳(۱/۸)	-	-	-	-	-	-
همافیزالیس اریناسه	۳(۱/۸)	-	-	-	-	-	-
همافیزالیس اینرمیس	۱(۰/۶)	-	-	-	-	-	-
اورنیتودروس کنسترنی	۶(۳/۷)	-	-	-	-	-	-
تعداد کل	۱۶۴(۱۰۰)	۷(۴/۲)	۳۰(۱۰۰)	۱(۳/۳)	۶(۱۰۰)	۱(۱۶/۶)	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, S7, 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 تأیید 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 آنتولیکوم* و یک گونه از کنه قهوه‌ای سگ یا *ریپیسفالوس 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 *ریپیسفالوس سانگوینئوس* ۲ درصد می‌باشد، گرچه کنه‌های گونه جنس *هیالوما* ۴۳/۵ درصد فراوانی و گونه *ریپیسفالوس سانگوینئوس* ۵۰ درصد فراوانی را به خود اختصاص داده‌اند. کنه قهوه‌ای سگ یا *ریپیسفالوس 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 *ریپیسفالوس* 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 *ریپیسفالوس* 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 *ریپیسفالوس سانگوینئوس* ۰/۷ درصد می‌باشد که در این مطالعه نیز تنها جنس و گونه آلوده به ویروس به جز جنس *هیالوما*، *ریپیسفالوس 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 پلیمرز (RT-PCR) در شهرستان مرودشت وجود آلودگی به ویروس تب هموراژیک کریمه-کنگو در میان سه گونه کنه سخت مورد تأیید 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 استان‌های 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 برنامه‌های 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 ارشد به 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 Encyclopedia 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. Janbaksh 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.

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

Farhadpour F¹, Telmadarraiy Z^{2*}, Chinikar S¹, Akbarzadeh K³, Fakoorziba MR³,
Moemenbellah Fard MD³

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