

## بررسی الگوهای مکانی و تحلیل خوشه‌های آنفلوآنزای پرنندگان (H9N2) در طیور بومی روستاهای کشور سال‌های ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳

• محمدحسین فلاح‌مهرآبادی

دانش آموخته PhD اپیدمیولوژی، موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

• علیرضا باهنر (نویسنده مسئول)

استاد اپیدمیولوژی، گروه بهداشت و کنترل مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه تهران، ایران

• اوستا صدرزاده

استادیار بیماری‌های طیور، گروه بیماری‌های طیور، دانشکده دامپزشکی دانشگاه آزاد اسلامی واحد گرمسار، ایران

• مهدی وصفی‌مرندی

استاد بیماری‌های طیور، گروه بیماری‌های طیور، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه تهران، ایران

• فرشاد زین‌العابدین طهرانی

دامپزشک، دفتر بهداشت و مدیریت بیماری‌های طیور، زنبور عسل و کرم ابریشم، سازمان دامپزشکی کشور، تهران، ایران  
تاریخ دریافت: ۱۳۹۴-۱۲-۰۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵-۰۱-۰۹

Email: abahonar@ut.ac.ir



### چکیده

آنفلوآنزای تحت تیپ H9N2 در کشور ما بومی است و هر ساله موجب بروز خسارات زیادی به صنعت مرغداری کشور می‌شود. طیور بومی می‌توانند به عنوان مخزن و ناقل سبب گسترش ویروس به طیور صنعتی شوند. شناسایی مکان‌های پرخطر این بیماری با استفاده از تحلیل‌های مکانی می‌تواند در برنامه‌های کنترل و پیشگیری موثر باشد. این مطالعه، مقطعی و از شهر یور تا آذرماه سال‌های ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳ انجام گرفت. نمونه‌برداری از طیور بومی روستاهای ثبت شده GIS سازمان دامپزشکی انجام گرفت. بر روی نمونه‌ها آزمایش HI طبق دستورالعمل سازمان دامپزشکی انجام گرفت. در سال ۱۳۹۲ از ۳۹۷ روستا و ۱۱۵۴۶ پرنده نمونه‌گیری شد. تعداد ۳۴۱ (۸۶٪) روستا و ۴۵۱۷ (۳۹٪) نمونه سرم مثبت بودند. در سال ۱۳۹۳ از ۳۲۹ روستا و ۸۹۰۱ پرنده نمونه‌گیری شد. تعداد ۲۸۶ (۹/۸۶٪) روستا و ۲۷۷۱ نمونه (۱/۳۱٪) سرم مثبت بودند. نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که میزان آلودگی در سطح روستاها بالا بوده اما در سطح پرنده‌ها میزان آلودگی کمتر است. با توجه به وجود بانک اطلاعاتی مکان محور (GIS) در سازمان دامپزشکی کشور و ثبت اطلاعات مراقبت بیماری‌ها از جمله آنفلوآنزای پرنندگان در این سامانه، می‌توان از قابلیت‌های تحلیل مکانی این سامانه جهت شناسایی مکان‌های پرخطر رخداد بیماری استفاده کرده و بر اساس یافته‌های حاصل، برنامه‌ریزی لازم جهت کنترل بیماری در کشور انجام شود.

کلمات کلیدی: آنفلوآنزای پرنندگان، تحت تیپ H9N2، تحلیل مکانی، طیور بومی، ایران.

• Veterinary Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 114 pp: 2-13

Spatial pattern and cluster analysis of avian influenza H9N2 subtype in backyard poultry, Iran, 2014 and 2015

By: Fallah Mehrabadi, M.H., Razi vaccine and Serum Resaerch Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tehran, Iran. Bahonar, A.R., (Corresponding Author) Department of Food Hygiene & Quality Control, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, Tehran, Iran. Sadrzadeh, A., Department of Poultry Diseases, School of Veterinary Medicine, Azad University, Garmsar, Iran. Vasfi Marandi. M., Department of Poultry Diseases, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, Tehran, Iran. Tehrani, F., Department of Health and Management of Poultry Diseases, Iranian Veterinary Organization. Tehran, Iran.

Email: abahonar@ut.ac.ir

Received: 2016-02-28 Accepted: 2016-03-28

AI H9N2 subtype is endemic in Iran and causes huge losses to the poultry industry of the country every year. Backyard poultry can spread the virus to commercial poultry as reservoirs and vectors of AI viruses. Identification of high-risky areas of the disease using spatial analyses can be effective in prevention and control programs. The study was conducted using a cross-sectional design from September to December in 2014 and 2015. Samples were taken from backyard poultry of villages that had been registered in Iranian veterinary organization database (GIS). All samples were examined using HI-H9N2 test according to the IVO protocol. In 2014, a total of 397 villages and 11546 birds were sampled. 341 (86%) villages and 4517 (39%) birds were positive for HI test. In 2015, a total of 329 villages and 8901 birds were sampled. 286 (86.9%) villages and 2771 (31.1%) birds were positive for HI test. The results of this study indicate that the village level prevalence is high but bird level prevalence is low. Given that, there are spatial databases in IVO (GIS) and all diseases data including avian influenza surveillance data are recording in this system. Hence, spatial analysis capabilities can be used to identify high risk areas of disease occurrence, and based on these findings, the planning should be done to control the disease in Iran.

Key words: Avian Influenza, H9N2 subtype, Spatial analysis, Backyard poultry, Iran

می‌باشد (۱۶). در علم اپیدمیولوژی از روش‌های مختلف مدل‌سازی جهت تعیین عوامل خطر بیماری، احتمال گسترش بیماری و پیش‌بینی وضعیت آینده آن استفاده می‌شود. یکی از ابزارهای نوین جهت مدل‌سازی مکانی که در سال‌های اخیر به علم اپیدمیولوژی در کنترل بیماری‌ها کمک زیادی کرده است، سیستم اطلاعات جغرافیایی (GIS) می‌باشد (۲). سیستم اطلاعات جغرافیایی بستری برای تجزیه و تحلیل اطلاعات مکانی و یک ابزار مدیریت در تصمیم‌گیری‌های بهداشتی بسیاری از کشورهای توسعه یافته محسوب می‌شود.

امروزه تحلیل‌های مکانی در کنترل بیماری‌های انسانی و دامی در سیستم‌های مراقبت اهمیت بسیار زیادی یافته است. با توجه به گستردگی این بیماری در سراسر دنیا و تاثیر عوامل خطر مختلف محیطی در بروز این بیماری، استفاده از مدل‌سازی‌های مکانی در شناسایی مکان‌های پرخطر این بیماری می‌تواند در اعمال برنامه‌های کنترل و پیشگیری موثر باشد. مطالعات مختلفی در این زمینه انجام گرفته است که مطالعه تب دره ریفت، بروسولوز و آنفلوآنزای فوق حاد پرندگان از این جمله است. آنالیزهای مکانی برای ارزیابی خطر و شناسایی مناطق پرخطر آنفلوآنزا با هدف اثربخش بودن

#### مقدمه

آنفلوآنزای پرندگان یک بیماری حاد و بسیار واگیردار در گونه‌های مختلف پرندگان می‌باشد. از نظر اقتصادی و بهداشت عمومی به علت توانایی ایجاد بیماری و مرگ و میر در پرندگان و انسان‌ها، قطع تجارت پرندگان، تهدید امنیت غذایی کشورهای دارای منابع کم و هزینه‌های زیاد مرتبط با اقدامات کنترلی آن دارای اهمیت زیادی می‌باشد (۸ و ۱). در سال‌های گذشته همه‌گیری‌های متعددی ناشی از تحت تیپ H9N2 که در کشور ما بومی است، در طیور صنعتی کشور رخ داده و موجب بروز خسارات زیادی به این صنعت شده است (۱۸). از طرفی در اکثر روستاهای ایران، طیور بومی با هدف تولید تخم‌مرغ و گوشت نگهداری می‌شوند و این طیور می‌توانند به عنوان مخزن و ناقل آنفلوآنزا عمل کنند و سبب گسترش ویروس به طیور صنعتی شوند. از جمله اقدامات لازم جهت کنترل این بیماری اجرای برنامه مراقبت می‌باشد که فرایند منظم و مستمر جمع‌آوری داده‌های مرتبط با بیماری‌ها، تجزیه و تحلیل آن‌ها با هدف تعیین وضعیت بیماری و اجرای اقدام مناسب جهت کنترل بیماری بر اساس شاخص‌های اپیدمیولوژیک

انجام آزمایشات قرار داده شد. نمونه‌های سرمی با استفاده از آنتی‌ژن H9N2 و مطابق دستورالعمل سازمان دامپزشکی مورد آزمایش ممانعت از هم‌اگلوتیناسیون قرار گرفتند تا از نظر تیتراژ آنتی‌بادی ضد ویروس (HI) بررسی شوند. محاسبه تیتراژ آنتی‌بادی علیه ویروس‌های آنفلوانزا با استفاده از آنتی‌ژن با توان 4 واحد و بر اساس  $\log_2$  رقت‌های مورد آزمایش انجام گرفت و بر اساس دستورالعمل سازمان بهداشت جهانی دام، عیار سرمی 4 به بالا (عیار 1/16) به عنوان نقطه برش و مثبت بودن عیار در نظر گرفته شد (13). پزندگانی که دارای عیار سرمی 4 به بالا بودند مثبت و روستاهایی که دارای حداقل یک نمونه مثبت بودند به عنوان روستای آلوده در نظر گرفته شدند.

### تجزیه و تحلیل نتایج مطالعه

داده‌های مربوط به نمونه‌برداری و انجام در سامانه پایش و مراقبت بیماری‌های سازمان دامپزشکی ثبت گردید.

برای توصیف داده‌ها، برای داده‌های کمی میانگین حسابی آن‌ها و برای داده‌های کیفی، فراوانی آنها بیان گردید (16). تمام آنالیزهای آماری با استفاده از نرم افزار SPSS ویرایش 22 انجام گرفت.

برای توصیف مکانی داده‌ها، موقعیت جغرافیایی هر روستا و روستاهای آلوده بر روی نقشه نمایش داده شد و برای تحلیل مکانی از دو ابزار تحلیل خوشه و تحلیل لکه‌های داغ استفاده گردید. در تحلیل خوشه‌ها که با شاخص انسلین محلی موران 2 نیز شناخته می‌شود، نشان داده شد که در چه مکان‌هایی مقادیر زیاد و یا کم این پدیده‌ها در مکان بطور خوشه‌ای توزیع شده‌اند. لایه خروجی ایجاد شده توسط این ابزار دارای فیلدی به نام CO Type است و در آن خوشه‌های مقادیر زیاد (HH)، خوشه‌های مقادیر کم (LL)، ناخوشه‌ها که در آن یک مقدار زیاد توسط مقادیر کم محاصره شده‌است (HL) و تکدانه‌هایی که در آن عارضه دارای مقدار کم توسط عوارض دارای مقادیر زیاد (LH) محاصره شده‌است، نمایش داده شد و  $(p < 0.05)$  به عنوان سطح معنی‌داری از نظر آماری در نظر گرفته شد. در تحلیل لکه‌های داغ آماره گتیس - ارد جی 3 برای کلیه عوارض موجود در داده‌ها محاسبه شد و امتیاز Z محاسبه شده نشان می‌دهند که در کجای داده‌ها مقادیر زیاد و یا کم خوشه‌بندی شده‌اند. در مورد امتیاز Z مثبت و معنادار از نظر آماری، هر چه امتیاز Z بزرگتر باشد، مقادیر بالا و به میزان زیادی خوشه‌بندی شده و لکه داغ تشکیل شده است. در مورد امتیاز Z منفی و معنادار از نظر آماری، هر چه امتیاز Z کوچکتر باشد، به معنای خوشه‌بندی شدیدتر مقادیر پایین می‌باشد و این‌ها در حقیقت لکه‌های سرد را نشان می‌دهند (11).

تهیه نقشه‌های قرار گرفتن روستاهای نمونه‌برداری شده و روستاهای مثبت و آنالیز تحلیل خوشه‌ها و لکه‌های داغ بیماری در شعاع 25 کیلومتری هر روستا با استفاده از نرم افزار Arc GIS ویرایش 9.2 انجام شد.

### نتایج

#### الف: نتایج توصیفی سال 1392

در این سال از 397 روستای نمونه‌برداری شد (حدود 0.05 درصد روستاهای کل کشور) و 11546 پرنده نمونه‌گیری شد. از مجموع 397 روستای نمونه‌گیری شده تعداد 341 (86٪) روستا از نظر عیار سرمی در

و اقتصادی بودن برنامه‌های مراقبت به کار می‌رود (9). از طرفی رخداد بیماری‌ها ممکن است در مکان یا زمان به صورت خوشه‌ای اتفاق بیفتد. خوشه بودن رخداد بیماری‌ها در مکان، ممکن است سرخ‌هایی در خصوص عوامل و علت بروز بیماری فراهم کند که در برنامه‌های کنترل و پیشگیری بیماری موثر خواهد بود (12). هدف از انجام تحقیق حاضر بررسی الگوهای مکانی (پراکنش و توزیع مکانی) و تعیین خوشه‌ها و لکه‌های داغ آنفلوانزای پرنده‌گان بر اساس شیوع سرمی در طیور بومی روستاهای کشور می‌باشد و نتایج آن می‌تواند در برنامه‌های مراقبت و کنترل آنفلوانزا مورد استفاده قرار گیرد.

### مواد و روش کار

روش انجام این مطالعه، مقطعی (Cross-sectional) بود و از ابتدای شهریور تا آخر آذرماه در سال‌های 1392 و 1393 در تمامی استان‌های کشور انجام گرفت. تمام مزارع پرورش طیور کشور و روستاهایی که در آن‌ها طیور بومی نگهداری می‌شوند در سامانه اطلاعاتی پایش و مراقبت بیماری‌های سازمان دامپزشکی (GIS) ثبت شده‌اند و این سامانه یک بانک اطلاعاتی مکان محور است. هر روستا و مزرعه پرورش دارای یک کد 11 رقمی اختصاصی می‌باشد. در این بانک اطلاعاتی اطلاعات توصیفی هر روستا از جمله نوع و تعداد پرنده هر روستا، طول، عرض و ارتفاع جغرافیایی روستا و سایر اطلاعات مورد نیاز ثبت شده است. در این مطالعه از روستاهای ثبت شده در این بانک اطلاعاتی استفاده گردید. جامعه آماری در این طرح، روستاهایی است که در زمان اجرای تحقیق در آن‌ها طیور بومی نگهداری یا پرورش داده می‌شد. در این سامانه حدود 6500 روستا که در آن پرنده نگهداری یا پرورش داده می‌شود ثبت شده است. روش نمونه‌برداری طبقه‌ای بر اساس نسبت روستاهای موجود در هر استان انجام گرفت. تعداد روستای مورد نیاز برای نمونه‌گیری بر اساس میزان شیوع 50 درصد، دقت 5 درصد و با 95 درصد اطمینان محاسبه گردید (4) و در این مطالعه از حدود 0.05 درصد روستاهای ثبت شده در سیستم نمونه‌برداری شد. همچنین تعداد پرنده مورد نیاز برای نمونه‌برداری برای تشخیص سرمی به گونه‌ای انتخاب گردید که با فرض شیوع سرمی مساوی و بیشتر از 25 درصد، دقت 15 درصد و با 95 درصد اطمینان محاسبه گردید که بر این اساس در هر روستا از 30 پرنده نمونه‌گیری انجام گرفت (3). روستاهای مورد نظر جهت نمونه‌برداری با استفاده از نرم‌افزار اکسل و به صورت تصادفی بر اساس کد 11 رقمی اختصاص داده شده به واحد مذکور در سامانه GIS انتخاب گردید.

### روش انجام تست‌های آزمایشگاهی

پس از مراجعه به هر روستا از تعداد 30 پرنده که در 6 ماه گذشته سابقه واکسیناسیون علیه آنفلوانزا نداشتند، نمونه‌گیری انجام شد و از هر پرنده با سرنگ 2/5 میلی لیتری از ورید بالی به اندازه یک میلی لیتر خون اخذ شد. نمونه اخذ شده در سرنگ با زاویه 25 درجه به مدت یک ساعت در دمای اتاق قرار گرفت تا سرم آن جدا شود. سرم جدا شده در میکروتیوب 1/5 میلی لیتری قرار گرفت و بعد از کدگذاری و ثبت اطلاعات مربوط به محل نمونه‌برداری و مشخصات جنس و گونه پرنده همراه با زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل شد و در فریزر 20- درجه سانتی‌گراد تا زمان

میزان تجمع در استان‌های همدان، چهارمحال و بختیاری، خراسان جنوبی و کرمانشاه و اصفهان و بر اساس تعداد موارد سرم مثبت در استان‌های خراسان رضوی و تهران قرار گرفته و در این استان‌ها لکه‌های داغ ایجاد شده است (شکل ۴).

### و. مقایسه نتایج سال ۹۲ با سال ۹۳

مقایسه تعداد نمونه‌های اخذ شده و میزان شیوع سرمی آنفلوانزای تحت تیپ H9N2 در جدول ۳ آورده شده است. مقایسه نسبت روستاهای H9N2 مثبت در دو سال نشان می‌دهد که نسبت روستاهای سرم مثبت در دو سال از نظر آماری با هم اختلاف معنی‌داری نداشت ( $p > 0/05$ ). اما نسبت نمونه‌های سرم مثبت از نظر آماری در سال ۹۲ به طور معنی‌داری بیشتر از سال ۹۳ بود ( $p < 0/001$ ).

### بحث

نتایج این مطالعه در سه بخش قابل بررسی است. نخست بررسی میزان شیوع سرمی در سطح روستاها که بر اساس نتایج این مطالعه میزان آلودگی در سطح روستاها در هر دو سال بالا بوده و اختلاف آماری معنی‌داری بین دو سال وجود ندارد. با توجه به اینکه در تمام استان‌های کشور مزارع پرورش طیور گوشتی و در بیشتر استان‌های کشور مزارع پرورش طیور تخم‌گذار وجود دارند و هر دو نوع این مزارع از نظر سطح امنیت زیستی در سطح پایینی قرار دارند، این احتمال وجود دارد که ویروس H9N2 بین مزارع پرورشی و طیور بومی در گردش باشد و طیور بومی به عنوان مخزن نقش مهمی در بقای این ویروس و اپیدمیولوژی آن داشته باشند.

دومین نکته قابل بررسی در نتایج این مطالعه، وضعیت شیوع سرمی در سطح فردی یا پرنده می‌باشد که میزان شیوع فردی بسیار کمتر از شیوع سطح روستاها در هر دو سال می‌باشد و در سال ۱۳۹۳ میزان شیوع از نظر آماری، کمتر از سال ۹۲ می‌باشد. در کشور مطالعات مشابهی در خصوص بررسی شیوع آنفلوانزا در طیور بومی انجام شده که همه این مطالعات به بررسی شیوع در سطح فردی و محدود به منطقه خاصی بوده است و نتایج در نقاط مختلف متفاوت بوده است. در مطالعه‌ای که توسط هادی‌پور بر روی طیور بومی اطراف دریاچه مهارلو در استان فارس انجام شد، میزان شیوع سرمی ویروس آنفلوانزای H9N2 ۸۱/۶٪ بیان شد (۷). همچنین در مطالعه دیگری که توسط همین محقق در طیور بومی انجام شد، ۷۸۱۰/۲٪ اردک‌ها و ۶۲۱۰/۹٪ از نظر تیتر سرمی مثبت بودند (۶). در تمامی این مطالعات که به صورت منطقه‌ای انجام شده‌اند، میزان شیوع در سطح فردی بسیار بالا تر از این مطالعه بوده است. اما در مطالعه‌ای که در استان بوشهر بر روی ۱۵۳۰ نمونه خون ماکیان بومی جهت تعیین تیتر آنتی‌بادی علیه ویروس آنفلوانزای (H9N2) انجام شد، ۳۹٪ نمونه‌ها دارای تیتر سرمی علیه ویروس‌های آنفلوانزا H9N2 بودند (۱۵). همچنین در مطالعه‌ای که بر روی ۵۵۰ نمونه سواب اخذ شده از کلاک اردک‌های بومی استان گیلان جهت ردیابی ویروس‌های آنفلوانزا (آزمایش RT-PCR) انجام گرفت، ویروس آنفلوانزای پرندگان در هیچ یک از نمونه‌های مورد آزمایش ردیابی نشد (۱۵). آنفلوانزای H9N2 در خاورمیانه بومی است و در بین کشورهای منطقه نیز در مطالعه‌ای که در کشور عمان انجام شد میزان شیوع آنفلوانزا در سطح روستاها برابر ۸۴٪ و در سطح پرنده برابر ۳۷/۵٪ بود (۱۷)، که

آزمایش HI برای تحت تیپ H9N2 مثبت بودند.

از تعداد ۱۱۵۴۶ نمونه اخذ شده نیز تعداد ۴۵۱۷ (۳۹٪) نمونه مثبت بود. بیشترین فراوانی نسبی پرنده سرم مثبت به ترتیب مربوط به استان‌های لرستان (۹۸٪)، قم (۸۱٪)، چهارمحال و بختیاری (۷۷٪)، کهگیلویه و بویر احمد (۷۵٪) و بوشهر (۶۱٪) و کمترین فراوانی نسبی پرنده سرم مثبت به ترتیب مربوط به استان‌های زنجان (۳٪)، هرمزگان (۱۰٪)، گلستان (۱۱٪) و گیلان (۱۲٪) بود (جدول ۱).

### ب: نتایج تحلیل مکانی سال ۱۳۹۲

در تحلیل خوشه‌های صورت گرفته برای آنفلوانزای H9N2 در روستاها بر اساس میانگین تیتر سرمی نمونه‌های اخذ شده، خوشه‌های سرمی در استان‌های قم، همدان، کهگیلویه و بویراحمد، لرستان، خراسان شمالی، چهارمحال و بختیاری، خراسان رضوی، فارس و اردبیل، و بر اساس تعداد پرنده سرم مثبت، خوشه‌های سرمی در استان‌های قم، همدان، کهگیلویه و بویراحمد، لرستان، چهارمحال و بختیاری و تهران قرار گرفته است (شکل ۱).

همچنین در تحلیل لکه‌های داغ صورت گرفته برای آنفلوانزای H9N2 در روستاها بر اساس میانگین تیتر سرمی نمونه‌های اخذ شده، بالاترین میزان تجمع در استان‌های قم، چهارمحال و بختیاری، کهگیلویه و بویراحمد، همدان، لرستان و مرکزی، و بر اساس تعداد موارد سرم مثبت، لکه‌های داغ در استان‌های قم، چهارمحال و بختیاری، کهگیلویه و بویراحمد، همدان، لرستان و مرکزی ایجاد شده است (شکل ۲).

### ج: نتایج توصیفی سال ۱۳۹۳

در این سال از ۳۲۹ روستا (حدود ۰/۰۶ درصد روستاهای کل کشور) و ۸۹۰۱ پرنده نمونه‌گیری شد. از مجموع ۳۲۹ روستای نمونه‌گیری شده، تعداد ۲۸۶ (۸۶/۹٪) روستا از نظر عیار سرمی در آزمایش HI برای تحت تیپ H9N2 مثبت بودند.

از تعداد ۸۹۰۱ نمونه اخذ شده، تعداد ۲۷۷۱ نمونه (۳۱/۱٪) در آزمون HI-H9 مثبت بودند. بیشترین فراوانی نسبی پرنده سرم مثبت به ترتیب مربوط به استان‌های مرکزی (۷۲٪)، زنجان (۶۷٪)، یزد (۶۶٪)، کردستان (۶۵٪) و سیستان و بلوچستان (۶۳٪) و کمترین فراوانی پرنده سرم مثبت به ترتیب مربوط به استان‌های هرمزگان (۰٪)، خراسان شمالی (۱۰٪)، اصفهان و گیلان (۱۴٪) بود (جدول ۲).

### د: نتایج تحلیل مکانی سال ۱۳۹۳

در تحلیل خوشه‌های صورت گرفته برای آنفلوانزای H9N2 در روستاها بر اساس میانگین تیتر سرمی نمونه‌های اخذ شده، خوشه‌های سرمی در استان‌های خراسان جنوبی، سیستان و بلوچستان، قم، مرکزی، قزوین، چهارمحال و بختیاری، کردستان، اردبیل، خراسان رضوی و آذربایجان شرقی و بر اساس تعداد پرنده سرم مثبت، خوشه‌های سرمی در استان‌های تهران، البرز، مرکزی، زنجان، کردستان، همدان، کرمانشاه، سیستان و بلوچستان، چهارمحال و بختیاری، فارس و یزد قرار گرفته است (شکل ۳).

همچنین در تحلیل لکه‌های داغ صورت گرفته برای آنفلوانزای H9N2 در روستاها بر اساس میانگین تیتر سرمی نمونه‌های اخذ شده، بالاترین

مختلف کشور شامل افزایش ایمنی اکتسابی به علت واکسیناسیون برخی از طیور بومی کشور که باعث کاهش میزان عفونت و کاهش گردش ویروس در بین پرندگان واکنش یافته شده می‌شود، و همچنین وجود مقاومت ژنتیکی در بین برخی از گونه‌ها و نژادهای پرندگان می‌باشد (۱۷). و در نهایت با توجه به اینکه نمونه‌های اخذ شده از یک استان در دو سال پیاپی به صورت تصادفی انتخاب شده و از مناطق مشابه نبوده و با توجه به اینکه شرایط ذکر شده فوق در مورد یک استان نیز صدق می‌کند، تفاوت شیوع یک استان در دو سال می‌تواند به دلیل هر یک از موارد ذکر شده در بالا باشد. نتایج مطالعه حاضر در دو سال نشان از آلودگی بالای طیور بومی کشور با ویروس آنفلوانزای H9N2 می‌باشد و با توجه به نقش مهم این طیور در بقا و انتقال ویروس به طیور صنعتی می‌بایست طیور بومی نیز در برنامه‌های کنترل آنفلوانزا مورد توجه قرار گرفته و برنامه‌های کنترلی مناسب در این حوزه نیز اجرا شود.

### تشکر و قدردانی

این مطالعه با همکاری دفتر بهداشت و مدیریت بیماریهای طیور سازمان دامپزشکی انجام شده و از مدیر کل محترم دفتر جناب آقای دکتر طهرانی و سایر همکاران کمال تشکر را داریم.

### پاورقی‌ها

- 1- Geographical Information System
- 2- Anselin Local Moran Index
- 3- Getis – Ord Gi

### منابع مورد استفاده

- 1- Campitelli, L., Fabiani, C., Puzelli, L., Fioretti, E., Foni, E., De Marco, A., Krauss, S., Webster, R. & Donatelli, I. 2002. H3N2 Influenza Viruses From Domestic Chickens In Italy: An Increasing Role For Chickens In The Ecology Of Influenza. *Journal of General Virology*. 83: 413-420.
- 2- Durr, P. Catrell, A. Gis And Spatial Analysis In Veterinary Science, 2004, 2nd Edition, CABI Publishing, pp: 119-14.
- 3- EC, 2010. Commission Decision 2011/367/EU of 25 June 2010 on the implementation by Member States of surveillance programs for avian influenza in poultry and wild birds, *Official J. of the European Union*. L 166, 1.7.2010, p.7.
- 4- Fallah Mehrabadi, M.H., Bahonar A.R., Tehrani, F., Vafimrandi, M., Sadrzadeh, A., Ghafouri, S.A., Meshkat, M. and Masror, F., 2015. Avian Influenza H9N2 Seroepidemiological Survey In Rural Domestic Poultry Of Iran. *Iranian Journal of Epidemiology* 10(4): 1-8.
- 5- Fallah Mehrabadi, M., Bahonar, A., Marandi, M. V., Sadrzadeh, A., Tehrani, F., & Salman, M. 2016. Sero-survey of Avian Influenza in backyard poultry and wild bird species in Iran-2014. *Preventive Veterinary Medicine*, 128: 1-5.

میزان شیوع در هر دو سطح مشابه نتایج این مطالعه بود به این صورت که شیوع در سطح روستاها بالا و در سطح پرند پایین بود. نکته سوم در خصوص نتایج این مطالعه بررسی الگوهای مکانی بیماری بر اساس تعداد پرند سر مثبت است که بیشترین خوشه‌ها و لکه‌های داغ شیوع فردی آنفلوانزا در استان‌های تهران، قم، لرستان، چهارمحال و بختیاری و کهگلویه و بویراحمد و کمترین خوشه‌ها و سردترین لکه‌ها در استان‌های گلستان، گیلان و مازندران قرار داشتند. در بررسی مقالات منتشر شده در مجلات معتبر، مطالعه‌ای در خصوص تحلیل‌های مکانی در دامپزشکی در ایران منتشر نشده است که چندین علت را می‌توان برای آن برشمرد. نخست اینکه سامانه GIS در کشور نوپا بوده و هنوز بسیاری از محققین از وجود این سامانه و قابلیت‌های آن در کشور اطلاع ندارند. دوم دسترسی به داده‌های موجود برای محققین میسر نبوده و نیازمند برقراری ارتباط و همکاری با سازمان دامپزشکی کشور می‌باشد. اما بر خلاف کشور ما در سایر کشورها از تحلیل‌های مکانی جهت بررسی تداخلات بین رخداد بیماری و شرایط مکانی و تاثیر آن‌ها در رخداد بیماری‌ها و به خصوص آنفلوانزا استفاده می‌گردد. در مطالعه‌ای که در نیجریه با استفاده از مدل‌های GIS انجام گرفته است، طغیان آنفلوانزا با تجارت، بازارهای فروش پرندگان زنده، عدم دفع بهداشتی لاشه و ضعف کاربرد شاخص‌های بهداشتی ارتباط تنگاتنگی داشت (۱۰). همچنین با استفاده از مدل‌های مکانی و نمایش پویایی ماهیانه خوشه‌های زمانی- مکانی بیماری و تطبیق مسیر پرواز پرندگان مهاجر وحشی، شرح کمی از انتقال H5N1 در مقیاس جهانی بیان شده است و رابطه احتمالی بین پرندگان مهاجر و گسترش بیماری آشکار می‌شود. در اروپا، نقشه‌های خطر رخداد آنفلوانزا نشان می‌دهند که این بیماری با در دسترس بودن منابع غذایی، افزایش دما و کاهش بارندگی در ارتباط است (۱۹).

### نتیجه‌گیری

تفاوت میزان شیوع در استان‌های مختلف در این مطالعه، تفاوت میزان شیوع در بین دو استان در طول دو سال و همچنین متفاوت بودن نتایج مطالعات مختلف در کشور می‌تواند به چند دلایل احتمالی باشد. اول این‌که تراکم طیور بومی، گونه پرندهای پرورشی، نوع سیستم پرورش و نگهداری و همچنین ارتباط و تماس بین طیور در روستاهای مختلف کشور که از عوامل موثر و تاثیرگذار در گسترش و گردش ویروس می‌باشد، متفاوت است (۵). دوم تراکم مزارع پرورشی طیور صنعتی، ارتباط بین پرورش‌دهندگان طیور صنعتی و افراد روستا، استفاده از کارگران بومی در مزارع پرورش صنعتی و عرضه طیور صنعتی به صورت زنده در روستاها و یا بازارهای زنده فروشی از جمله شاخص‌های موثر در گردش ویروس بین مزارع صنعتی و طیور بومی است که این شاخص‌ها نیز در مناطق مختلف کشور با هم تفاوت دارد. سوم تاثیر شرایط اقلیمی و آب و هوایی و محیطی است که نقش بسیار زیادی در بقا و گردش ویروس در نقاط مختلف کشور دارد و به نظر می‌رسد در مناطقی که رطوبت هوا بالاتر باشد میزان شیوع کمتر است و شاید علت آن کارایی مطلوب سیستم موکوسیلیاری تنفسی پرند در رطوبت بالا از یک طرف، و افزایش وزن ریز قطره‌ها و سنگین شدن وزن آن‌ها و رسوب آن‌ها در بستر و عدم استنشاق آنها توسط سایر پرندها از طرف دیگر می‌باشد و چهارم تفاوت سطح ایمنی طیور بومی در مناطق

- 6- Hadipour, M. M. 2011. Serological Evidence of Inter-Species Transmission of H9N2 Avian Influenza Virus in Poultry, Iran. *International Journal of Animal and Veterinary Advances*, 3(1): 29-32.
- 7- Hadipour, M. H., and Golchin, P. 2011. Serosurvey Of H9N2 Avian Influenza Virus During Respiratory Disease Outbreak In Broiler Flock In Dezful, Southern Iran. *Bulgarian Journal of Veterinary Medicine*. 14(1): 62-65.
- 8- Horimoto, T. & Kawaoka, Y., 2001. Pandemic Threat Posed By Avian Influenza A Viruses. *Clinical Microbiology Reviews*. 14(1): 129-149.
- 9- Iglesias, I. Sánchez-Vizcaíno JM. Muñoz, M.J; Martínez, M; de la Torre A., 2011. Spatio-Temporal Model Of Avian Influenza Spread Risk. *Procedia Environmental Sciences*. 7: 104-109.
- 10- Joannis TM. C A Meseko, A T Oladokun, H G Ularamu, A N Egbuji, P Solomon, et al. 2008. Serologic And Virologic Surveillance Of Avian Influenza In Nigeria, 2006-7. *EuroSurveill*. 13(42):pii=19007. Available online: <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19007>
- 11- Mesgari, A. 2011. Spatial Statical Analysis Using Arcgis. First edition. Information and Communication Technology Organization Publishing of Tehran Municipality. Tehran. 20-65. (In persian).
- 12- Michael P. Ward, Tim E. Carpenter. 2000. Analysis Of Time±Space Clustering In Veterinary Epidemiology. *Preventive Veterinary Medicine*. 43:225-237
- 13- OIE, 2015. Terrestrial Animal Health Code. Chapter 2.3.4.OIE, Paris. 1-23.
- 14- Poursafar, F., Karimi, V., Charkhkar, S., Ghalyanchilangroudi, A. and Maghsoodloo, H. 2012. Molocular Monitoring Of Avian Influenza Viruses In Domestic Ducks. A Provincial Study. *Journal of Veterinary Research*. 67(4): 345-351.
- 15- Saadat, Y. Seyed Ali Ghafouri., Farshad Tehrani., Arash Ghalyanchi Langeroudi. 2014. An active serological survey of antibodies to Newcastle disease and avian influenza (H9N2) viruses in the unvaccinated backyard poultry in Bushehr province, Iran, 2012-2013. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*. 4: S213-S216.
- 16- Salman, M.D., 2003. Animal Disease Surveillance and Survey Systems, Methods and Applications. First Edition, Blackwell Publishing. 47-67.
- 17- Shekaili, T. AL. Clough, H. Ganapathy, K. Baylis, M. 2015. Sero-Surveillance And Risk Factors For Avian Influenza And Newcastledisease Virus In Backyard Poultry In Oman. *Preventive Veterinary Medicine*. 122(1-2):145-153
- 18- Vasfi Marandi, M., Bozorg Mehrifard, M. H., Hasani Tabatabaei, A. A. M., Kerdabadi, M., Charkhkar, S., and Farahmandi, M. 2000. Serological Monitoring Of Haemaglotination Inhibition Antibodies In A Multi Aged Layer Farm following Avian Influenza Outbreak Due To H9N2 Sub-Serotype In 1998 In Iran. *Journal of Veterinary Research*. 55(3): 73-81.
- 19- Wang, Si. Y., Skidmore, T. A. K., De Boer, W. F., Li, L., Prins, H. H. T. 2010. Environmental Factors Influencing The Spread Of The Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Virus In Wild Birds In Europe. *Ecology and Society* 15(3): 26. [online] URL: <http://www.ecologyandsociety.org/vol15/iss3/art26>.

جدول ۱- تعداد و فراوانی نسبی روستاها و پرنده های نمونه گیری شده و سرم مثبت HI-H9 به تفکیک استان در سال ۱۳۹۲

نام استان	تعداد روستای نمونه برداری شده	تعداد روستای سرم مثبت HI-H9	تعداد پرنده نمونه گیری شده	تعداد پرنده سرم مثبت HI-H9
اردبیل	۱۷	۱۴ (%۸۲)	۳۷۲	۱۹۵ (%۵۲)
اصفهان	۱۸	۱۴ (%۷۸)	۴۶۳	۲۱۹ (%۴۷)
البرز	۱۹	۱۶ (%۸۴)	۴۷۲	۲۷۰ (%۵۷)
ایلام	۱۴	۱۲ (%۸۲)	۳۴۴	۶۲ (%۱۸)
آذربایجان شرقی	۲۱	۲۱ (%۱۰۰)	۵۲۴	۲۶۳ (%۵۰)
آذربایجان غربی	۱۱	۹ (%۸۲)	۵۲۹	۹۸ (%۱۹)
بوشهر	۵	۵ (%۱۰۰)	۱۲۰	۷۳ (%۶۱)
تهران	۱۴	۱۴ (%۱۰۰)	۵۲۱	۲۲۰ (%۴۲)
چهارمحال و بختیاری	۸	۸ (%۱۰۰)	۲۰۴	۱۵۷ (%۷۷)
خراسان جنوبی	۸	۸ (%۱۰۰)	۲۱۱	۹۳ (%۴۴)
خراسان رضوی	۱۸	۱۸ (%۱۰۰)	۴۵۳	۲۵۲ (%۵۶)
خراسان شمالی	۱۱	۱۱ (%۱۰۰)	۲۶۴	۱۵۷ (%۶۰)
خوزستان	۸	۸ (%۱۰۰)	۲۶۲	۱۲۶ (%۴۸)
زنجان	۱۰	۱ (%۱۰)	۲۵۴	۸ (%۳)
سمنان	۸	۷ (%۸۸)	۱۸۶	۱۰۵ (%۵۶)
سیستان و بلوچستان	۸	۸ (%۱۰۰)	۲۲۴	۶۶ (%۲۹)
فارس	۱۶	۱۶ (%۱۰۰)	۳۸۸	۲۲۷ (%۵۸)
قزوین	۱۳	۱۲ (%۹۲)	۳۱۹	۱۴۰ (%۴۴)
قم	۱۲	۱۲ (%۱۰۰)	۲۸۳	۲۲۹ (%۸۱)
کردستان	۱۱	۱۱ (%۱۰۰)	۳۲۹	۱۸۲ (%۵۶)
کرمان	۷	۷ (%۱۰۰)	۱۷۲	۹۶ (%۵۶)
کرمان جنوب	۷	۵ (%۷۱)	۱۶۸	۵۱ (%۳۰)
کرمانشاه	۱۵	۱۵ (%۱۰۰)	۳۶۰	۱۴۷ (%۴۱)
کهگیلویه و بویر احمد	۶	۶ (%۱۰۰)	۱۴۴	۱۰۸ (%۷۵)
گلستان	۱۷	۱۴ (%۸۲)	۱۰۸۸	۱۱۶ (%۱۱)
گیلان	۱۹	۱۲ (%۶۳)	۴۹۲	۵۷ (%۱۲)
لرستان	۸	۸ (%۱۰۰)	۲۴۴	۲۳۸ (%۹۸)
مازندران	۲۹	۱۷ (%۵۹)	۱۲۱۸	۱۷۳ (%۱۴)
مرکزی	۹	۹ (%۱۰۰)	۲۲۲	۱۰۳ (%۴۶)
هرمزگان	۷	۳ (%۴۳)	۱۶۸	۱۷ (%۱۰)
همدان	۱۱	۸ (%۷۳)	۲۹۰	۱۴۳ (%۴۹)
یزد	۱۲	۱۲ (%۱۰۰)	۲۵۸	۱۲۵ (%۴۸)
مجموع	۳۹۷	۳۴۱ (%۸۶)	۱۱۵۴	۴۵۱۷ (%۳۹)

جدول ۲- تعداد و فراوانی نسبی روستاها و پرند های نمونه گیری شده و سرم مثبت HI-H9 به تفکیک استان در سال ۱۳۹۳

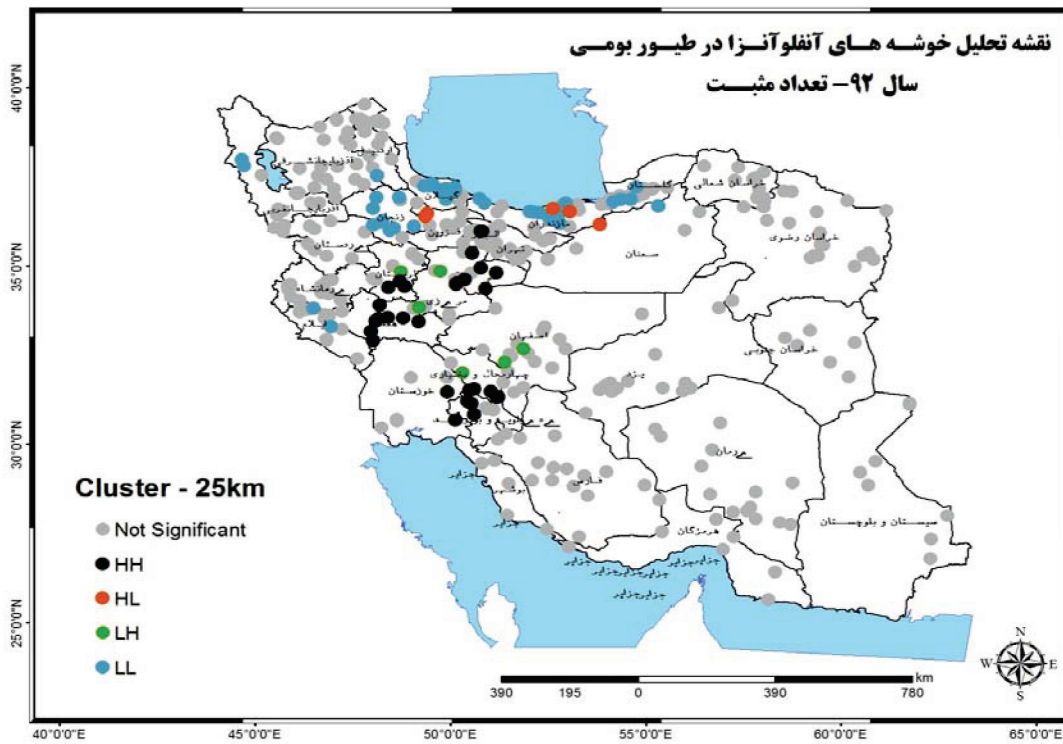
نام استان	تعداد روستای نمونه برداری شده	تعداد روستای سرم مثبت HI-H9	تعداد پرند نمونه گیری شده	تعداد پرند سرم مثبت HI-H9
اردبیل	۱۴	۱۳ (%۹۳)	۲۸۸	۶۹ (%۲۴)
اصفهان	۱۵	۹ (%۶۰)	۴۴۰	۶۰ (%۱۴)
البرز	۱۳	۱۳ (%۱۰۰)	۳۸۹	۱۴۷ (%۳۸)
ایلام	۱۲	۱۲ (%۱۰۰)	۲۹۴	۱۱۲ (%۳۸)
آذربایجان شرقی	۱۴	۱۴ (%۱۰۰)	۳۸۶	۱۴۷ (%۳۸)
آذربایجان غربی	۱۴	۱۴ (%۱۰۰)	۵۶۰	۱۰۰ (%۱۸)
بوشهر	۵	۵ (%۱۰۰)	۱۲۰	۲۰ (%۱۷)
تهران	۱۶	۱۶ (%۱۰۰)	۵۵۸	۲۰۷ (%۳۷)
چهارمحال و بختیاری	۵	۵ (%۱۰۰)	۱۲۱	۶۸ (%۵۶)
خراسان جنوبی	۶	۶ (%۱۰۰)	۱۵۶	۵۴ (%۳۵)
خراسان رضوی	۱۶	۱۳ (%۸۱)	۴۴۳	۱۴۰ (%۳۱)
خراسان شمالی	۷	۵ (%۷۱)	۱۶۸	۱۷ (%۱۰)
خوزستان	۶	۶ (%۱۰۰)	۱۷۵	۹۴ (%۵۴)
زنجان	۷	۷ (%۱۰۰)	۱۷۷	۱۱۸ (%۶۷)
سمنان	۷	۷ (%۱۰۰)	۲۱۶	۷۴ (%۳۴)
سیستان و بلوچستان	۷	۶ (%۸۶)	۱۶۱	۱۰۱ (%۶۳)
فارس	۱۱	۸ (%۷۳)	۲۸۰	۶۷ (%۲۴)
قزوین	۱۷	۱۶ (%۹۴)	۴۷۸	۱۴۱ (%۳۰)
قم	۱۱	۹ (%۸۲)	۲۶۷	۶۴ (%۲۴)
کردستان	۸	۸ (%۱۰۰)	۱۹۲	۱۲۵ (%۶۵)
کرمان	۶	۴ (%۶۷)	۱۴۴	۱۸ (%۱۳)
کرمان جنوب	۴	۴ (%۱۰۰)	۹۶	۳۱ (%۳۲)
کرمانشاه	۱۲	۱۰ (%۸۳)	۲۸۷	۷۳ (%۲۵)
کهگیلویه و بویر احمد	۵	۳ (%۶۰)	۱۲۰	۳۱ (%۲۶)
گلستان	۱۷	۱۷ (%۱۰۰)	۵۵۵	۱۰۱ (%۱۸)
گیلان	۱۶	۱۲ (%۷۵)	۳۸۴	۵۴ (%۱۴)
لرستان*	۵	-	۱۲۰	-
مازندران	۲۳	۱۸ (%۷۸)	۱۲۲	۱۲۲ (%۱۹)
مرکزی	۱۰	۱۰ (%۱۰۰)	۲۱۹	۱۵۸ (%۷۲)
هرمزگان	۴	۰ (%۰)	۹۶	۰ (%۰)
همدان	۸	۸ (%۱۰۰)	۱۹۲	۱۱۹ (%۶۲)
یزد	۸	۸ (%۱۰۰)	۱۹۲	۱۲۶ (%۶۶)
<b>مجموع</b>	<b>۳۲۹</b>	<b>۲۸۶ (%۸۷)</b>	<b>۸۹۰۱</b>	<b>۲۷۵۸ (%۳۱)</b>

\*آزمایش انجام نشده است.

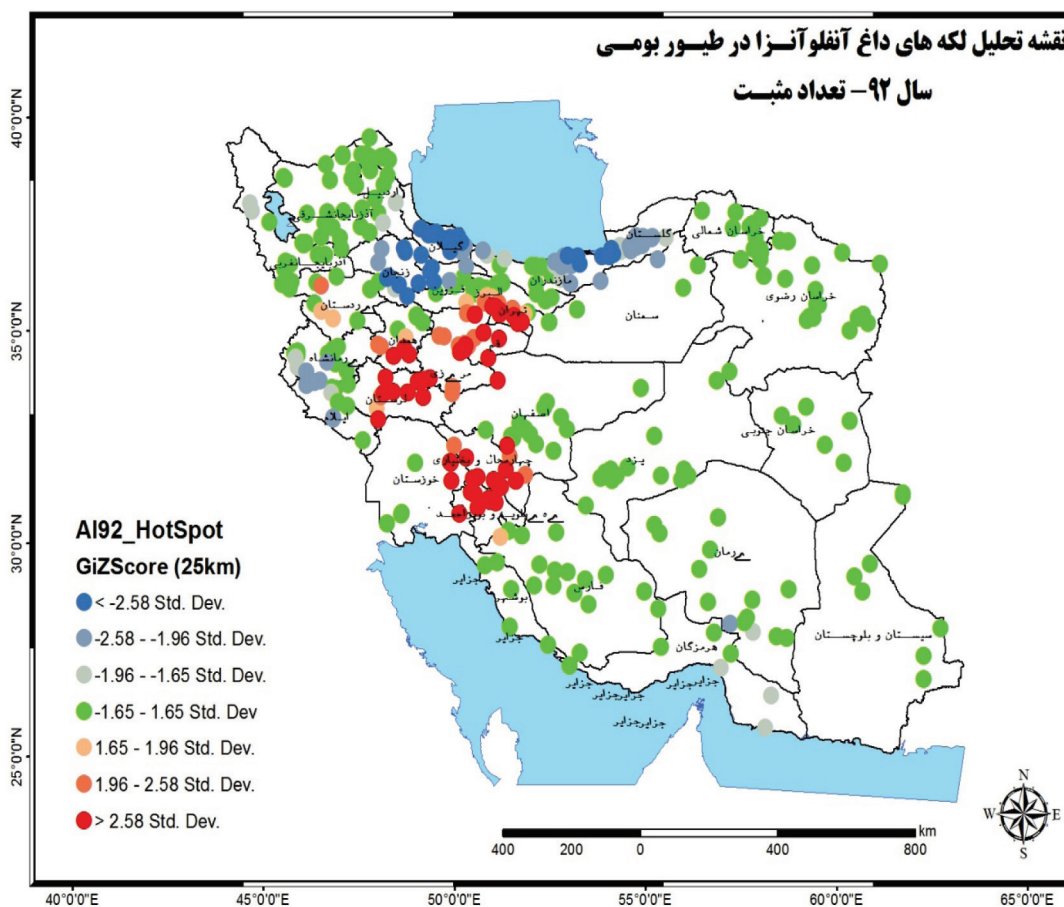


جدول ۳ - مقایسه فراوانی روستاها و پرندگان نمونه برداری شده و میزان شیوع در سال های ۹۲ و ۹۳

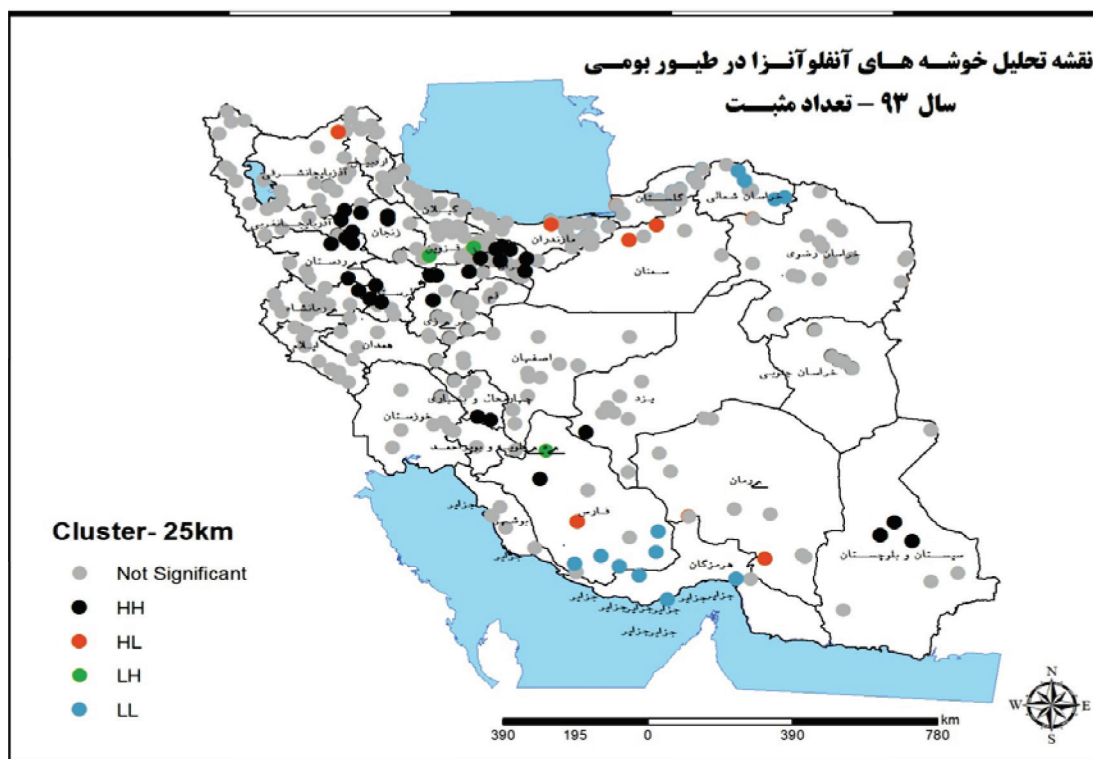
سال	تعداد روستای نمونه برداری شده	تعداد نمونه اخذ شده	تعداد روستای سرم مثبت HI-H9N2	تعداد نمونه سرم مثبت HI-H9N2
۱۳۹۲	۳۹۷	۱۱۵۴۶	۳۴۹ (%۸۸)	۴۵۱۷ (%۳۹)
۱۳۹۳	۳۲۹	۸۹۰۱	۲۹۶ (%۹۰)	۲۷۰۴ (%۳۰)



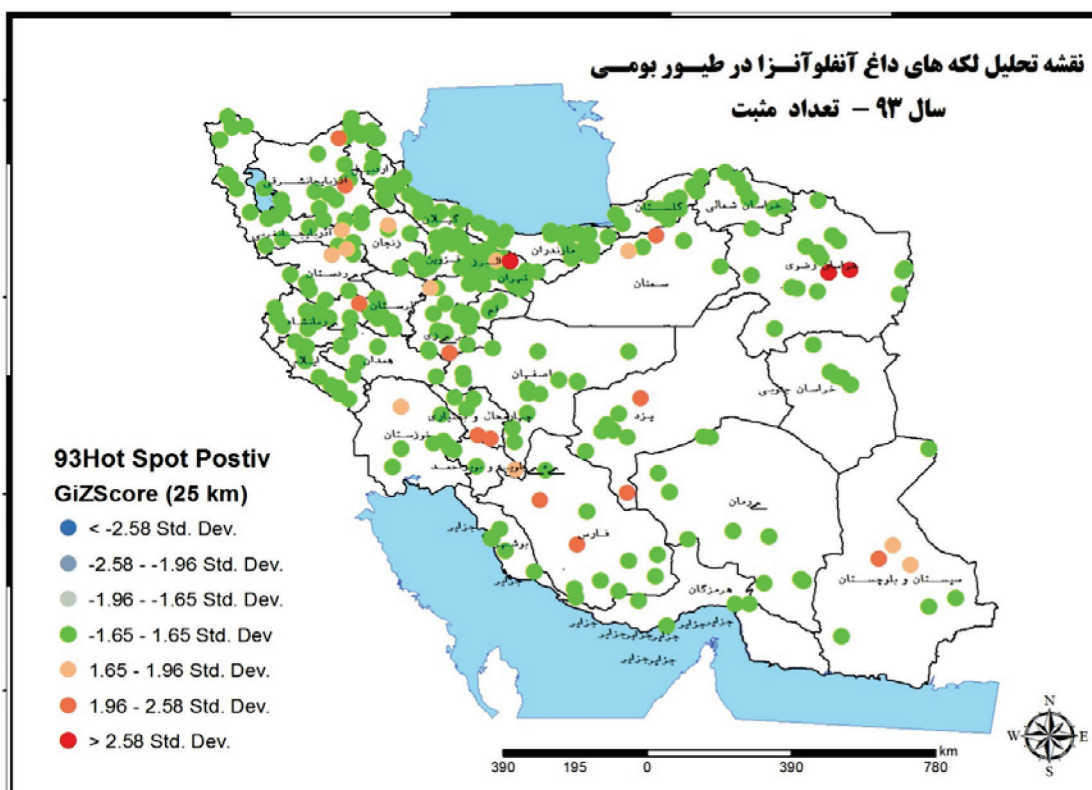
شکل ۱- نقشه تحلیل خوشه‌ها برای آنفلوآنزای H9N2 در روستاهای کشور بر اساس تعداد موارد سرم مثبت - سال ۱۳۹۲. خوشه‌های مقدار زیاد (HH)، خوشه‌های مقدار کم (LL)، ناخوشه‌ها که در آن مقدار زیاد توسط مقدار کم محاصره شده‌است (HL) و تکدانه‌هایی که در آن کانون دارای مقدار کم توسط کانون دارای مقدار زیاد (LH) محاصره شده‌است.



شکل ۲- نقشه تحلیل لکه های داغ برای آنفلوآنزای H9N2 در روستاهای کشور بر اساس تعداد پرند سر مثبت - سال ۱۳۹۲ (لکه های داغ، نقاط قرمز پررنگ - لکه های سرد، نقاط آبی رنگ).



شکل ۳- نقشه تحلیل خوشه‌ها برای آنفلوآنزای H9N2 در روستاهای کشور بر اساس تعداد موارد سرم مثبت - سال ۱۳۹۳. (خوشه‌های مقدار زیاد (HH)، خوشه‌های مقدار کم (LL)، ناخوشه‌ها که در آن مقدار زیاد توسط مقدار کم محاصره شده‌است (HL) و تکه‌هایی که در آن کانون دارای مقدار کم توسط کانون دارای مقدار زیاد (LH) محاصره شده‌است.



شکل ۴- نقشه تحلیل لکه های داغ برای آنفلوآنزای H9N2 در روستاهای کشور بر اساس تعداد پرند سرم - سال ۱۳۹۳. (لکه های داغ، نقاط قرمز پررنگ - لکه های سرد، نقاط آبی رنگ).

