Journal of Ilam University of Medical Sciences
P-ISSN: 1563-4728
E-ISSN: 2588-3135

Prevalence and Molecular Identification of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) in Domestic Livestock and Their Associated Hard Ticks in Ilam, Iran, 2025

Gholamreza Mansouri [1], Fatemeh Foroohi [1*], Fatemeh Rafiei [1], Taher Mohammadian [1]

[1] Dept of Microbiology, ShQ.C., Islamic Azad University, Shahr-e Qods, Iran

Article Info

Article type:
Research Article

Article History:
Received: Jul. 27, 2026
Received in revised form: Aug. 15, 2026
Accepted: Aug. 18, 2026
Published Online: Nov. 26, 2026

**** Correspondence to:***
Fatemeh Foroohi
Dept of Microbiology, ShQ.C., Islamic Azad University, Shahr-e Qods, Iran

Email:
drforoohi@iau.ac.ir

A B S T R A C T

Introduction: Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) is one of the most significant zoonotic agents with a widespread distribution in Iran. Due to its border proximity to Iraq and high livestock movement, Ilam Province is considered a high-risk area. The aim of this study is to investigate the prevalence and molecular identification of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (CCHFV) in domestic livestock and its associated hard ticks in Ilam.

Materials & Methods: In this descriptive-analytical study, a total of 190 livestock blood samples (100 sheep, 50 goats, and 40 cattle) and their respective collected tick samples were analyzed. Tick species identification was performed using morphological identification keys. Following total RNA extraction, viral genome detection was conducted via RT-PCR targeting the S segment.

Results: Tick identification revealed that *Hyalomma anatolicum anatolicum* (37%) and *Rhipicephalus sanguineus* (20%) were the most predominant species. Regarding viral infection, three positive pools were identified among the total samples. The prevalence of infection in sheep was 2%, while no infections were detected in goats or cattle. The overall mean prevalence in the studied livestock was reported as 1.05%.

Conclusion: The presence of CCHFV in livestock in Ivan County indicates the endemic circulation of the virus in western Iran. These findings underscore the critical role of livestock movement and tick vectors in viral dissemination and emphasize the necessity for stricter surveillance of livestock transit and the implementation of control programs against ectoparasites in Ilam Province.

Keywords: Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV), Ilam Province, Tick, Zoonosis, Livestock

Cite this paper: Mansouri Gh, Foroohi F, Rafiei F, Mohammadian T. Prevalence and Molecular Identification of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) in Domestic Livestock and Their Associated Hard Ticks in Ilam, Iran, 2025. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*. 2026;34(5):92-104.

Introduction

Ticks are the second most important group of infectious disease vectors after mosquitoes, transmitting a wide array of pathogens, including arboviruses, bacteria, and parasites, to humans and livestock alike (1). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) is of particular interest among emerging and re-emerging tick-borne diseases because of its wide geographical distribution (2). The CCHF virus (genus Orthonairovirus, family Nairoviridae) is a highly virulent agent with a mortality rate of up to 50% in human cases, and it is endemic in the Palearctic, Oriental, and Afrotropical regions (3). In mammals, CCHF infection is usually asymptomatic. However, it is a serious threat to humans, causing severe hemorrhagic fever and having the potential for nosocomial transmission (4). The disease is transmitted by the bites of infected ticks (especially of the genus Hyalomma), direct contact with blood or tissues of infected livestock, and via nosocomial routes (5). CCHF is considered a major biothreatening agent due to its high transmission potential. High-risk groups include livestock farmers, veterinarians, and slaughterhouse workers. CCHF was first identified in Iran in 1970 and is now endemic in many provinces of the country. The multi-host life cycle of ticks allows the virus to persist and survive in nature. Ilam Province is a very conducive environment for tick activity and the cycle of virus transmission because of its hilly terrain, close border with Iraq, and rich culture of

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

© The Author(s)

nomadism and livestock rearing. However, studies on tick species identification and the prevalence of CCHFV virus in this region are scarce. Thus, the present study was designed to identify the active tick species and to determine the CCHFV infection rates in Ilam Province. The aim of this research is to contribute to the improvement of disease control strategies and preventive programs for high-risk populations through the identification of infected foci.

Methods

This descriptive-analytical study was carried out in eight counties of Ilam Province (Eyvan, Darreh Shahr, Abdanan, Ilam, Dehloran, Mehran, Chardavol, and Badreh) in the period autumn 2025 to spring 2026. The study population included 190 livestock heads (sheep, goats, and cattle) and 500 hard ticks collected from them. The ticks were removed using specific forceps and identified to species by morphological examination using the Walker identification keys under a stereomicroscope. After pooling and categorizing the collected ticks, total RNA was extracted using a commercial kit (ROJEH, Iran), and cDNA synthesis was performed. The cDNA synthesis reaction was performed for 60 min at 42°C, followed by enzyme inactivation at 85°C for 5 min. RT-PCR was performed in a final volume of 20 µL using specific primers (target 250 bp band) for the detection of the viral genome S segment. The primers used were CCHFV-forw (5'-GGACATAGGTTTCCGTGTCA-3') and CCHFV-rev (5'-TCCTTCTAATCATGTCTGACAGC-3'). The thermal profile included an initial denaturation step (5 min at 95°C), 35 amplification cycles (95°C denaturation, 55°C annealing, and 72°C extension), and a final extension step. All steps were performed with positive and negative controls, and the final products were analyzed by electrophoresis on a 1.5% agarose gel. The data were analyzed by SPSS software (version 26) and appropriate statistical tests.

Results

A total of 500 ticks were collected from 190 heads of livestock (sheep, goats, and cattle) and identified. Morphological analysis showed that the genus Hyalomma was the most dominant. Hyalomma anatolicum was the most numerous species among the species found, with a relative abundance of 37%. Other identified species were Rhipicephalus sanguineus (20%), R. turanicus (15%), H. excavatum (11%), H. dromedarii (5%), R. bursa (4%), and H. marginatum (3%). The molecular screening by RT-PCR revealed that 3 out of 100 tested tick pools (3%) were positive for the CCHFV virus. All positive pools belonged to the species H. anatolicum anatolicum. Electrophoresis showed the presence of a specific band of 250 bp corresponding to the S segment of the viral genome in the positive samples. In relation to host species, the highest prevalence was in sheep with positive cases of 2 out of 100 (2.0%). No goats (0/50; 0%) or cattle (0/40; 0%) were found to be infected with any virus. The CCHFV virus was found to be present in 1.05% of the total livestock population studied (n = 190). The spatial distribution analysis showed the highest frequency of positive tick pools in Eyvan County. Similarly, all positive cases (2 sheep) in blood samples of livestock were localized in Eyvan County. Additionally, one of the three positive pools of ticks was also found in the Eyvan region.

Conclusion

The findings of the present study indicate a great variation in hard tick species in the studied area, and the genus Hyalomma was the most prevalent. In particular, Hyalomma anatolicum anatolicum was the most prevalent species, representing 37% of the total collection. Given the known status of this species as a major vector for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever virus (CCHFV), its high abundance in this area is an important indicator for public health and continuous disease surveillance. The detection of viral infection in 3% of the tick pools tested, only in H. a. anatolicum species, and a 1.05% prevalence in the sheep population are strong evidence of active CCHFV circulation in the tick-livestock cycle in the region. Of particular interest, the positive cases in both ticks and livestock were spatially concentrated in Eyvan County, suggesting this area is a potential hotspot for infection. In addition, the negative results in goats and cattle but positive in sheep highlight the need for concentrating on sheep populations for focused disease control and prevention programs. The findings of this study showed that tick population control programs should be implemented, with emphasis on the genus Hyalomma, especially in Eyvan County. Furthermore, strengthening epidemiological surveillance systems and implementing educational programs in livestock farmers are critical measures to reduce the risk of zoonotic transmission to humans and to reduce the impact on livestock productivity.

Authors' Contribution

Conceptualization, Methodology, Validation, Formal Analysis, Investigation, Resources,

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

Software, Data Curation, Writing–Original Draft Preparation, Writing–Review & Editing, Visualization, Supervision, Project Administration: GRM, FF, FR, TM.

Ethical Statement

This study was approved by the Ethics Committee of Ilam University of Medical Sciences (Iran) (IR.MEDILAM.REC.1399.133). The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

Conflicts of Interest

The authors declare no conflict of interest regarding the publication of this article.

Funding

This research received no specific funding from any public, commercial, or not for profit agency.

Acknowledgment

The authors would like to express gratitude to all researchers whose scholarly works contributed to the theoretical and empirical foundations of this study.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام
شاپای چاپی : ۱۵۶۳-۴۷۲۸
شاپای الکترونیک : ۲۵۸۸-۳۱۳۵

بررسی شیوع و شناسایی مولکولی ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (CCHFV) در دام‌های اهلی و کنه‌های سخت مرتبط با آن در ایلام، ایران در سال ۱۴۰۴

غلامرضا منصوری [۱]، فاطمه فروهی [۱*]، فاطمه رفیعی [۱]، طاهر محمدیان [۱]

[۱] گروه میکروبیولوژی، واحد شهر قدس، دانشگاه آزاد اسلامی، شهر قدس، ایران

اطلاعات مقاله

نوع مقاله: پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۵/۰۵
تاریخ ویرایش: ۱۴۰۵/۰۵/۲۴
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۵/۲۷
تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۹/۰۵

نویسنده مسئول:
فاطمه فروهی
گروه میکروبیولوژی، واحد شهر قدس، دانشگاه آزاد اسلامی، شهر قدس، ایران

Email:
drforoohi@iau.ac.ir

چکیده

مقدمه: ایلام به‌سبب هم‌مرزی با عراق و تردد دام، از مناطق پرخطر به‌شمار می‌رود. هدف از این مطالعه بررسی شیوع و شناسایی مولکولی ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (CCHFV) در دام‌های اهلی و کنه‌های سخت مرتبط با آن در استان ایلام است.

مواد و روش‌ها: در این مطالعهٔ توصیفی-تحلیلی، مجموعاً ۱۹۰ نمونهٔ خون دام (۱۰۰ رأس گوسفند، ۵۰ رأس بز و ۴۰ رأس گاو) و نمونه‌های کنهٔ جداشده از آن‌ها جمع‌آوری گردید. شناسایی گونه‌های کنه از طریق کلیدهای شناسایی مورفولوژیک انجام شد. پس از استخراج RNA تام، شناسایی ژنوم ویروس با استفاده از تکنیک RT-PCR (هدف‌گیری قطعهٔ S) انجام گرفت.

یافته‌های پژوهش: نتایج شناسایی کنه‌ها نشان داد، *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* (۳۷ درصد) و *ریپیسفالوس سانگوئینوس* (۲۰ درصد) غالب‌ترین گونه‌های موجود بودند. در بررسی آلودگی ویروسی، از مجموع نمونه‌ها، ۳ پول (Pool) مثبت شناسایی شد. شیوع آلودگی در گوسفندان ۲ درصد بود، درحالی‌که در بزها و گاوها موردی از آلودگی مشاهده نگردید. میانگین کلی آلودگی در دام‌های مطالعه‌شده ۱/۰۵ درصد گزارش شد.

بحث و نتیجه‌گیری: حضور ویروس CCHFV در دام‌های شهرستان ایوان نشان‌دهندهٔ گردش بومی این ویروس در غرب کشور است. یافته‌ها مؤید نقش مهم جابه‌جایی دام و کنه‌های ناقل در گسترش ویروس است و بر ضرورت نظارت دقیق‌تر بر تردد دام و اتخاذ برنامه‌های کنترلی برای مبارزه با انگل‌های خارجی در استان ایلام تأکید دارد.

واژه‌های کلیدی: تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (CCHFV)، استان ایلام، کنه، زئونوز، دام

استناد: منصوری غلامرضا، فروهی فاطمه، رفیعی فاطمه،محمدیان طاهر. بررسی شیوع و شناسایی مولکولی ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (CCHFV) در دام‌های اهلی و کنه‌های سخت مرتبط با آن در ایلام، ایران در سال ۱۴۰۴. *مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام*، آذر ۱۴۰۵؛ (۵)۳۴: ۱۰۴-۹۲.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

حق‌مؤلف © نویسندگان

مقدمه

کنه‌ها از مهم‌ترین بندپایان خون‌خوار و ناقلان عوامل بیماری‌زا به‌شمار می‌روند و می‌توانند طیف وسیعی از ویروس‌ها، باکتری‌ها و انگل‌ها را میان حیوانات و انسان منتقل کنند (۱). بیماری‌های منتقله از طریق کنه ازجمله بیماری‌های مشترک نوپدید و بازپدید هستند که به علت تغییرات اقلیمی، جابه‌جایی دام، گسترش فعالیت‌های دام‌پروری و افزایش تماس انسان با دام و زیستگاه کنه‌ها، اهمیت روزافزونی یافته‌اند (۲). تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (Crimean–Congo hemorrhagic fever; CCHF) یکی از مهم‌ترین بیماری‌های ویروسی منتقله از طریق کنه است که گسترهٔ جغرافیایی وسیعی در بخش‌هایی از آفریقا، آسیا، خاورمیانه و اروپا دارد (۳). عامل بیماری ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (CCHFV)، یک ویروس RNAدار با ژنوم قطعه‌قطعه و دارای قطبیت منفی است (۴) که در جنس نایروویروس از خانوادهٔ بونیاویریده طبقه‌بندی می‌شود (۵). این ویروس در چرخهٔ طبیعی خود عمدتاً میان کنه‌ها و مهره‌داران اهلی و وحشی گردش می‌کند در اغلب دام‌های آلوده، عفونت بدون علامت یا همراه با علائم خفیف است (۶، ۳). بااین‌حال، دام‌ها می‌توانند در دورهٔ ویروسمی نقش مهمی در حفظ و انتقال ویروس در طبیعت داشته باشند (۷). در مقابل، عفونت در انسان ممکن است از یک بیماری تب‌دار خفیف تا تب خونریزی‌دهندهٔ شدید همراه با نارسایی چنداندامی متغیر باشد و میزان مرگ‌ومیر آن، بسته به سویهٔ ویروس، وضعیت بیمار و امکانات تشخیصی و درمانی، قابل توجه است (۸). کنه‌های سخت به‌ویژه گونه‌های متعلق به جنس Hyalomma، مهم‌ترین ناقلان و مخازن CCHFV به‌شمار می‌روند (۸، ۴). انتقال ویروس در جمعیت کنه‌ها از طریق انتقال ترانس‌استادیال و در برخی شرایط انتقال ترانس‌اواری گزارش‌شده است؛ بنابراین، کنه‌ها افزون بر نقش ناقل، در پایداری چرخهٔ طبیعی ویروس نیز اهمیت دارند (۹). انسان‌ها معمولاً از طریق گزش کنهٔ آلوده یا تماس مستقیم با خون، بافت و ترشحات دام‌های آلوده مبتلا می‌شوند؛ ازاین‌رو، دامداران، عشایر، چوپانان، کارگران کشتارگاه، دام‌پزشکان، کارکنان آزمایشگاه و کارکنان بهداشتی‌ـدرمانی در معرض خطر بیشتری قرار دارند؛ همچنین انتقال انسان‌به‌انسان از طریق تماس با خون و ترشحات بیمار، به‌ویژه در محیط‌های درمانی می‌تواند موجب وقوع موارد و خوشه‌های بیمارستانی شود (۳، ۲). ایران یکی از کشورهای دارای گردش بومی CCHFV است و شواهد سرولوژیک، مولکولی و اپیدمیولوژیک حضور ویروس را در مناطق مختلف کشور تأیید کرده‌اند (۱۰). ویژگی‌های اکولوژیک مناطق، تراکم دام، حضور کنه‌های ناقل، تردد و کوچ دام‌ها و تماس نزدیک انسان با دام از عوامل مؤثر بر پایداری چرخهٔ انتقال ویروس در کشور به‌شمار می‌روند (۱۲، ۱۱). استان ایلام واقع در غرب ایران و هم‌مرز با کشور عراق، از نظر دام‌پروری، وجود جمعیت عشایری و جابه‌جایی فصلی دام‌ها شرایطی دارد که می‌تواند در حفظ و انتشار عوامل منتقله از طریق کنه مؤثر باشد. با وجود اهمیت بهداشتی CCHFV و نقش احتمالی کنه‌ها و دام‌ها در چرخهٔ انتقال ویروس، اطلاعات جامع و به‌روز دربارهٔ گونه‌های کنه و میزان آلودگی آن‌ها به CCHFV در این استان محدود است؛ بنابراین، مطالعهٔ حاضر با هدف شناسایی گونه‌های کنه و بررسی آلودگی آن‌ها به ویروس CCHFV در استان ایلام انجام شد تا ضمن کمک به تعیین مناطق بالقوهٔ پرخطر، زمینهٔ لازم برای طراحی برنامه‌های مراقبت، پیشگیری و کنترل بیماری فراهم شود.

مواد و روش‌ها

طراحی مطالعه و جامعهٔ آماری: این مطالعه به‌صورت مقطعی (توصیفی–تحلیلی) در بازه زمانی بهار ۱۴۰۳ تا بهار ۱۴۰۴، در شهرهای منتخب شهرستان ایلام (ایوان، دره‌شهر، آبدانان، ایلام، دهلران، مهران، چرداول و بدره) انجام شد. جامعهٔ آماری شامل دام‌های اهلی بومی (گوسفند، بز و گاو) در واحدهای پرورش سنتی و صنعتی، به همراه کنه‌های سخت جداشده از آن‌ها بود. به‌منظور بررسی مولکولی ویروس، درمجموع از ۱۹۰ رأس دام شامل ۱۰۰ رأس گوسفند، ۵۰ رأس بز و ۴۰ رأس گاو نمونه‌برداری صورت گرفت. از دام‌ها حدود ۴–۳ میلی‌لیتر خون در لولهٔ EDTA تهیه گردید. هر لوله با کد یکتا برچسب‌گذاری شد و بلافاصله در زنجیرهٔ سرد قرار گرفت و به آزمایشگاه منتقل گردید. درمجموع، تعداد ۵۰۰

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

کنهٔ سخت از نواحی مستعد اتصال (گوش، زیر دم، چین‌های پوستی و کشالهٔ ران) جمع‌آوری شد. کنه‌ها با استفاده از پنس‌های تخصصی و با رعایت دستورالعمل‌های حفظ یکپارچگی بافت از بدن دام‌ها جدا گردیدند. نمونه‌ها بلافاصله به آزمایشگاه منتقل شدند و داده‌های اپیدمیولوژیک شامل تاریخ جمع‌آوری، نوع میزبان و محل جغرافیایی هر شهر ثبت گردید. نمونه‌ها برای شناسایی، در آزمایشگاه انگل‌شناسی از نظر مورفولوژیک بررسی شدند. تعیین جنس و گونه با استفاده از کلیدهای شناسایی معتبر (کلید شناسایی *Walker* و همکاران) و با مشاهدهٔ ویژگی‌های مرفولوژیک سطوح پشتی و شکمی (ازجمله ساختار اسکوتم) تحت استریومیکروسکوپ انجام گردید. به‌منظور آنالیز مولکولی، کنه‌ها به‌صورت (Pool) آماده‌سازی شدند (۱۳).

تشخیص مولکولی (RT-PCR)؛ استخراج RNA: برای استخراج RNA از خون دام‌ها و بافت کنه‌ها استفاده شد. به‌منظور شناسایی ژنوم ویروس در کنه‌های جمع‌آوری‌شده، ابتدا کنه‌ها دو مرتبه با استفاده از بافر PBS (فسفات بافر سالین) شست‌وشو داده شدند؛ سپس برای آزادسازی محتویات سلولی، نمونه‌ها در ۲۰۰ میکرولیتر PBS با استفاده از هاون استریل، کاملاً خرد و همگن گردیدند. استخراج RNA کل (Total RNA) با استفاده از کیت تجاری (ROJEH، شرکت زیست‌فناوری پیشگام) و مطابق با دستورالعمل سازنده انجام گرفت. RNA استخراج‌شده تا زمان انجام مراحل تکثیر، در دمای ۷۰- درجهٔ سانتی‌گراد نگهداری شد (۱۴).

سنتز cDNA: سنتز رشتهٔ اول cDNA با استفاده از کیت تجاری (ROJEH، شرکت زیست‌فناوری پیشگام) انجام گردید. بر اساس دستورالعمل ارائه‌شده، ابتدا مخلوط Primer-RNA شامل ۲ میکرولیتر mRNA، ۱ میکرولیتر پرایمر oligo(dT)18 و مقدار کافی آب بدون RNase (تا حجم ۱۰ میکرولیتر) تهیه شد. این مخلوط به مدت ۵ دقیقه در دمای ۶۵ درجهٔ سانتی‌گراد انکوبه گردید و بلافاصله به مدت ۲ دقیقه روی یخ قرار گرفت. در مرحلهٔ بعد، مخلوط سنتز cDNA (شامل بافر M-MuLV۱۰ x، آنزیم M-MuLV Reverse Transcriptase، مهارکنندهٔ RNase و dNTPs) به نمونه افزوده شد. واکنش سنتز cDNA به مدت ۶۰ دقیقه در دمای ۴۲ درجه سانتی‌گراد انجام گردید و برای غیرفعال‌سازی آنزیم، به مدت ۵ دقیقه در دمای ۸۵ درجهٔ سانتی‌گراد حرارت داده شد. محصول سنتزشده تا زمان استفاده در دمای ۲۰- درجهٔ سانتی‌گراد نگهداری و غلظت نهایی آن با دستگاه نانودراپ تعیین گردید. برای شناسایی بخش S ژنوم ویروسی، از پرایمرهای اختصاصی (CCHFV-forw): 5'-GGACATAGGTTTCCGTGTCA-3' (CCHFV-rev): 5'-TCCTTCTAATCATGTCTGACAGC-3' استفاده شد.

واکنش تکثیر (PCR): واکنش تکثیر در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر شامل ۱۰ میکرولیتر مسترمیکس (x2)، ۰/۵ میکرولیتر از هر پرایمر (با غلظت ۱۰ میکرومولار)، ۳ میکرولیتر cDNA (۵۰ نانوگرم) و ۶ میکرولیتر آب مقطر استریل انجام گردید. برای کنترل کیفیت، نمونه‌های کنترل مثبت (سویهٔ استاندارد حاوی ژن هدف) و کنترل منفی (آب بدون نوکلئاز) در همهٔ مراحل لحاظ شد. برنامهٔ حرارتی دستگاه ترموسایکلر به شرح زیر تنظیم گردید: واسرشت اولیه (۹۵ درجه، ۵ دقیقه)، ۳۵ چرخهٔ تکثیر (واسرشت ۹۵ درجه، ۳۰ ثانیه؛ اتصال ۵۵ درجه، ۳۰ ثانیه؛ گسترش ۷۲ درجه، ۶۰ ثانیه) و گسترش نهایی (۷۲ درجه، ۵ دقیقه) بود. درنهایت، محصولات PCR با استفاده از الکتروفورز روی ژل آگارز ۱/۵ درصد بررسی شدند و حضور باندهای ۲۵۰ جفت بازی به‌عنوان نتیجهٔ مثبت گزارش گردید (۱۴).

تجزیه‌وتحلیل داده‌ها: تجزیه‌وتحلیل داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS vol.26 انجام شد. متغیرهای کیفی شامل جنس و گونهٔ کنه، شهرستان محل نمونه‌گیری و نتیجهٔ آزمون مولکولی RT-PCR، به‌صورت فراوانی و درصد گزارش گردید. در مقایسهٔ دوتایی، میزان آلودگی گوسفندان در مقایسه با مجموع دام‌ها با آزمون دقیق فیشر بررسی شد.

ملاحظات اخلاقی: این مطالعه پس از تأیید کمیتهٔ اخلاق در پژوهش دانشگاه علوم پزشکی ایلام با کد اخلاق IR.MEDILAM.REC.1399.133 انجام گردید. همهٔ مراحل نمونه‌گیری از دام‌ها با کسب رضایت آگاهانه از

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

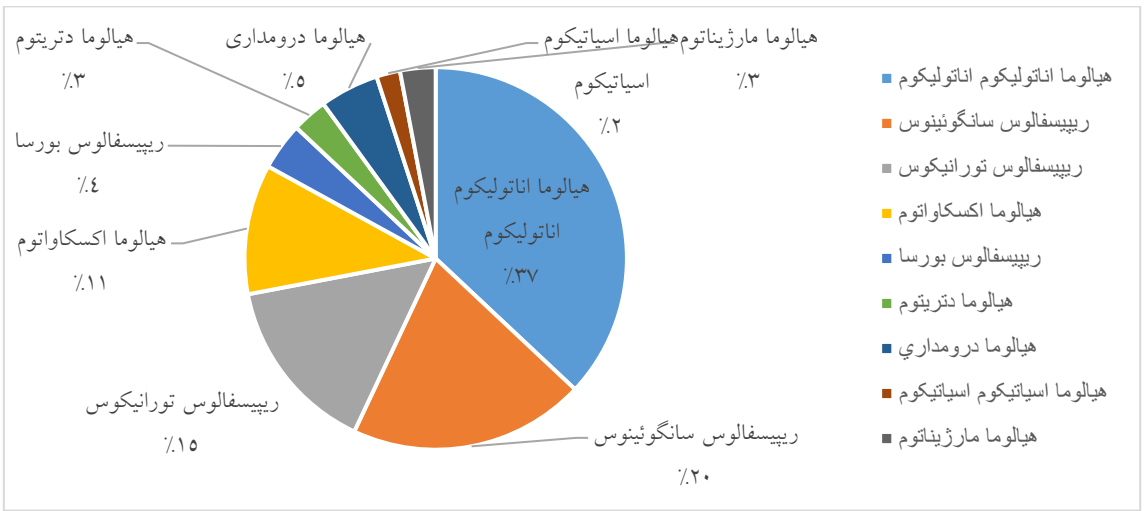
دامداران، با نظارت دام‌پزشک و با رعایت کامل اصول رفاه حیوانات برای به حداقل رساندن درد و استرس صورت گرفت. با توجه به ماهیت زئونوتیک ویروس عامل بیماری، همهٔ مراحل انتقال نمونه‌ها و آزمایش‌های مولکولی در آزمایشگاه مرجع با رعایت دقیق دستورالعمل‌های ایمنی زیستی (Biosafety Level 3) و با استفاده از تجهیزات حفاظت فردی انجام شد. اطلاعات مربوط به مناطق نمونه‌برداری و هویت مالکین دام‌ها به‌صورت محرمانه حفظ گردید.

یافته‌های پژوهش

ترکیب گونه‌ای و توزیع کنه‌ها: درمجموع، ۵۰۰ کنهٔ سخت از نظر ریخت‌شناسی شناسایی شدند. جنس *هیالوما* غالب‌ترین جنس در نمونه‌های جمع‌آوری‌شده بود. در سطح گونه، گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* با ۳۷ درصد بیشترین فراوانی نسبی را داشت و پس از آن، گونه‌های *ریپیسفالوس سانگوینئوس* با ۲۰ درصد و *ریپیسفالوس تورانیکوس* با ۱۵ درصد قرار گرفتند. سایر گونه‌های شناسایی‌شده شامل *هیالوما اکسکاواتوم* با ۱۱ درصد، *هیالوما درومداری* با ۵ درصد، *ریپیسفالوس بورسا* با ۴ درصد و *هیالوما مارجیناتوم* با ۳ درصد بودند (شکل شمارهٔ ۲). ویژگی‌های ظاهری سطح پشتی و شکمی کنه‌های جمع‌آوری‌شده در شکل شمارهٔ ۱ نمایش داده‌شده است.



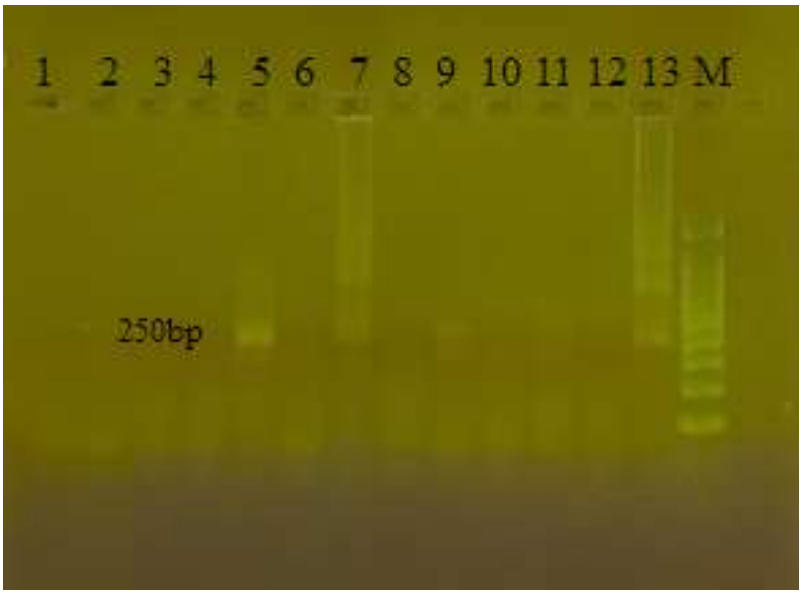
شکل شمارهٔ ۱. *هیالوما اناتولیکوم اناتولیکوم*



شکل شمارهٔ ۲. فراوانی نسبی جنس و گونه کنه‌ها

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

تشخیص مولکولی ویروس CCHFV در پول‌های کنه‌ای: بررسی‌های مولکولی با استفاده از روش RT-PCR (با هدف قرار دادن قطعهٔ S ژنوم) نشان داد، از میان ۱۰۰ پول آزمایش‌شده، ۳ پول (۳ درصد) از نظر ویروس CCHFV مثبت بودند (شکل شمارهٔ ۳). همهٔ پول‌های مثبت متعلق به گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* بودند.



شکل شمارهٔ ۳. نتایج واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (RT-PCR) برای تشخیص ویروس CCHFV

یک محصول ۲۵۰ جفت بازی مربوط به قطعهٔ S هدف ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو (CCHFV) در کنار مارکر ۵۰ جفت بازی نشان داده‌شده است. این ژل به‌وضوح حضور RNA ویروس CCHFV را در نمونه‌های مثبت تأیید می‌کند.میزان شیوع ویروس CCHFV در دام‌های اهلی: از نظر نوع میزبان، بیشترین میزان شیوع در گوسفندان مشاهده شد که شامل ۲ مورد از ۱۰۰ نمونه (۲/۰ درصد) بود. در بزها (۰ از ۵۰ مورد؛ ۰ درصد) و گاوها (۰ از ۴۰ مورد؛ ۰ درصد) هیچ مورد آلودگی به ویروس مشاهده نگردید. میزان شیوع کلی ویروس CCHFV در کل جمعیت مطالعه‌شده (۱۹۰ رأس دام) برابر با ۱/۰۵ درصد گزارش گردید (جدول شمارهٔ ۱). مقایسهٔ شیوع آلودگی میان گونه‌های دامی اختلاف معنی‌داری نشان نداد (P>۰.۰۵).

جدول شمارهٔ ۱. میزان شیوع ویروس CCHFV در دام‌های بررسی‌شده

نوع دام	(n) تعداد نمونه‌ها	تعداد موارد مثبت	(درصد) میزان شیوع
گوسفند	100	2	2درصد
بز	50	0	0 درصد
گاو	40	0	0 درصد
مجموع (کل دام‌ها)	190	2	1.05 درصد

تحلیل توزیع مکانی و شناسایی کانون‌های آلودگی: از نظر مکانی، پول‌های مثبت بیشتر در شهرستان ایوان مشاهده شد. در نمونه‌های خون دام‌ها، تنها موارد مثبت (۲ رأس گوسفند) از شهرستان ایوان گزارش‌شده بود. در نمونه‌های کنه نیز یکی از ۳ پول مثبت مربوط به ایوان بود (جدول شمارهٔ ۲).

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

جدول شمارهٔ ۲. میزان شیوع ویروس CCHFV در دام‌ها و کنه‌ها به تفکیک شهرستان

وضعیت کانون آلودگی	تعداد مثبت دام	تعداد پول مثبت کنه	نام شهرستان
کانون اصلی (آلودگی هم‌زمان دام و کنه)	2	1	ایوان
کانون ثانویه (فقط آلودگی کنه‌ای)	0	1	دره‌شهر
کانون ثانویه (فقط آلودگی کنه‌ای)	0	1	آبدانان
بدون آلودگی شناسایی‌شده	0	0	سایر شهرستان‌ها

بحث و نتیجه‌گیری

ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو به‌عنوان یکی از مهم‌ترین پاتوژن‌های منتقله از کنه، چالش بهداشتی عمده‌ای را در مناطق اندمیک شامل خاورمیانه، آسیا و آفریقا ایجاد می‌کند. حیوانات اهلی به‌عنوان مخازن اصلی و تقویت‌کنندهٔ ویروس در چرخهٔ انتقال کنه- مهره‌دار- کنه عمل می‌کنند و نقش حیاتی در اپیدمیولوژی این بیماری ایفا می‌نمایند. در این مطالعه، نرخ شیوع ویروس در دام‌های اهلی بررسی‌شده ۱/۰۵ درصد (۲ از ۱۹۰ مورد) گزارش شد که هر دو مورد در گوسفندان شناسایی گردید. این یافته نشان می‌دهد، ویروس در چرخهٔ دامی منطقه حضور دارد، هرچند میزان شناسایی آن در نمونه‌های بررسی‌شده پایین بود. ازآنجاکه ویرمی در دام‌ها معمولاً کوتاه‌مدت است، شناسایی مولکولی ویروس در نمونه‌های دامی می‌تواند تحت تأثیر زمان نمونه‌گیری نسبت به زمان آلودگی قرار گیرد؛ بنابراین، منفی بودن اغلب نمونه‌ها لزوماً به معنای نبود گردش ویروس در منطقه نیست (۱۷).

دام‌های اهلی به‌ویژه نشخوارکنندگان، غالباً بدون بروز علائم بالینی آشکار آلوده می‌شوند و با فراهم کردن منبع خون برای کنه‌ها، در تداوم چرخهٔ کنه- مهره‌دار- کنه نقش دارند. بااین‌حال، کنه‌ها به‌ویژه گونه‌های جنس *Hyalomma*، نقش مهم‌تری در حفظ ویروس در طبیعت دارند. مطالعات سرولوژیک انجام‌شده در هند، قزاقستان، کامرون، نیجریه و گامبیا نیز شواهدی از تماس دام‌های اهلی با CCHFV و گردش ویروس در جمعیت‌های دامی ارائه کرده‌اند (۱۹، ۱۸، ۱۴-۱۶). تفاوت میان میزان آلودگی یا سروپوزیتیویتی گزارش‌شده در این مطالعات با نتایج حاضر می‌تواند ناشی از تفاوت در طراحی مطالعه، نوع نمونه، روش تشخیصی، فصل نمونه‌گیری، گونهٔ میزبان و شرایط اکولوژیک مناطق باشد؛ همچنین مقایسهٔ مستقیم نتایج مولکولی با مطالعات سرولوژیک باید با احتیاط انجام شود؛ زیرا شناسایی RNA ویروس بیان‌کنندهٔ عفونت فعال یا اخیر است، درحالی‌که آنتی‌بادی نشان‌دهندهٔ مواجهه قبلی با ویروس است (۱۷).

ایران از مناطق بومی CCHFV به‌شمار می‌رود و مطالعات مختلف گردش ویروس را در انسان، دام و کنه در نواحی گوناگون کشور نشان داده‌اند (۲۰). گزارش‌های پیشین از استان‌های سیستان و بلوچستان، کرمان و خوزستان نیز بر اهمیت پایش دام‌ها و کنه‌ها در مناطق دارای فعالیت گستردهٔ دام‌پروری و تماس نزدیک انسان با دام تأکید دارند (۲۲، ۲۱، ۱۳). با وجود آنکه تنها گوسفندان در مطالعهٔ حاضر مثبت بودند، به علت تعداد محدود نمونه‌های مثبت نمی‌توان دربارهٔ حساسیت بیشتر یا نقش غالب گوسفند در چرخهٔ انتقال ویروس در استان ایلام نتیجه‌گیری قطعی کرد. بررسی‌های وسیع‌تر برای روشن شدن نقش نسبی گونه‌های مختلف دامی ضروری است.

آلودگی کنه‌های سخت و نرم به ویروس‌های تب هموراژیک نشان می‌دهد، الگوی توزیع و میزان آلودگی در دو بعد مکانی و زمانی تفاوت چشمگیری داشته و نقشهٔ اپیدمیولوژی بیماری‌های منتقله از طریق کنه‌ها نیز تغییر کرده است (۲۳). ازجمله می‌توان به مطالعات مصطفوی و همکاران اشاره کرد که به مدل‌سازی زمانی و مکانی تب هموراژیک کریمهٔ کنگو در کشور پرداخته‌اند و نشان داده‌اند که وقوع بیماری الگو و نوسانات فصلی دارد؛ همچنین شرایط آب‌وهوایی و اقلیمی ازجمله دمای بیشینه و رطوبت نسبی

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

ماه‌های قبل و نیز طول و عرض جغرافیایی، به همراه دیگر متغیرهای اپیدمیولوژیکی، کانون‌های انسانی و دامی متفاوتی را در کشور ایجاد می‌کنند (۲۵، ۲۴). پژوهشگران اعتقاد دارند، عوامل اقلیمی نقش مهمی در اپیدمیولوژی بیماری‌های منتقله از طریق بندپایان مانند تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو ایفا می‌کنند (۲۷، ۲۶). با توجه به تغییرات آب‌وهوایی و میزان بارندگی‌ها، میزان آلودگی نه‌تنها در استان‌های کشور از سالی به سال دیگر اختلاف نشان می‌دهد، بلکه این اختلافات در سطح شهرستان‌های یک استان نیز که شرایط و موقعیت متفاوتی دارند، مشاهده می‌شود. در مطالعهٔ حاضر، *Hyalomma anatolicum anatolicum* با فراوانی ۳۷ درصد غالب‌ترین گونهٔ کنه شناسایی‌شده بود. غلبهٔ گونه‌های جنس *Hyalomma* با نتایج مطالعات پیشین انجام‌شده در مناطق مختلف ایران همخوانی دارد (۳۱-۲۸). فراوانی این جنس در مناطق دام‌پروری کشور اهمیت دارد؛ زیرا گونه‌های مختلف *Hyalomma* در چرخهٔ طبیعی CCHFV نقش دارند و برخی از آن‌ها به‌عنوان ناقلان مهم ویروس شناخته می‌شوند. نتایج RT-PCR نشان داد، ۳ درصد از کنه‌های جنس Hyalomma بررسی‌شده RNA ویروس CCHFV داشتند. این میزان با گزارش تلمادره‌ای و همکاران در اردبیل قابل‌مقایسه است که میزان آلودگی کنه‌های Hyalomma را ۹/۱ درصد اعلام کرده بودند (۳۲). تفاوت میزان آلودگی کنه‌ها در مطالعات مختلف می‌تواند به عوامل متعددی ازجمله گونهٔ کنه، مرحلهٔ رشدی، نوع میزبان، زمان و محل صید، حجم نمونه، شرایط آب‌وهوایی و روش آزمایشگاهی وابسته باشد.

گونهٔ *هیالوما مارجیناتوم* یکی از مهم‌ترین ناقلان CCHFV در اروپا، آسیا و آفریقا شناخته می‌شود (۳۳). در روسیه، ارتباط میان میزان آلودگی کنه‌های *هیالوما مارجیناتوم* و بروز موارد انسانی CCHF گزارش‌شده است (۳۴)؛ همچنین در قزاقستان گونه‌های *هیالوما مارجیناتوم*، *هیالوما آناتولیکوم* و *هیالوما اکسکاواتوم* در میان کنه‌های غالب شناسایی گردیده‌اند و تنوع ژنتیکی CCHFV در این مناطق تأییدشده است (۳۵).

در استان فارس (جنوب ایران)، مطالعه‌ای روی ۱۲۴۵ کنه سخت و نرم جمع‌آوری‌شده از نشخوارکنندگان، حضور ویروس را در نه گونه کنهٔ مختلف تأیید کرد که نشان‌دهندهٔ طیف وسیع ناقلان احتمالی در این منطقه است؛ همچنین در منطقهٔ مرزی ایران و افغانستان در استان سیستان و بلوچستان، بررسی‌های مولکولی روی کنه‌های جداشده از دام‌های اهلی، شیوع ویروس را در این مناطق مرزی حساس آشکار ساخت. بااین‌حال، برخی مطالعات مانند تحقیق انجام‌شده در منطقهٔ سیستان (جنوب شرق ایران) تشخیص ندادن ویروس در کنه‌های سخت جمع‌آوری‌شده را گزارش کردند که ممکن است نشان‌دهندهٔ تفاوت‌های فصلی یا محلی در چرخهٔ انتقال باشد (۳۶، ۱۳). در بررسی‌های سایر مناطق، تیغی مهرآباد در سال ۱۳۸۶ در شهرستان‌های بناب و سراب استان آذربایجان شرقی، میزان آلودگی کنه‌ها به ویروس هموراژیک کریمهٔ کنگو را ۲۵/۵ درصد گزارش کرد (۲۸)؛ همچنین طهماسبی و همکاران در سال ۱۳۸۹ در استان همدان، میزان آلودگی کنه‌های سخت و نرم را ۱۹/۲ درصد گزارش نمودند (۳۰). با وجود این، در مطالعات انجام‌شده در سال‌های اخیر، میزان آلودگی در استان‌های مختلف کشور به‌طور چشمگیری کمتر گزارش‌شده است؛ برای نمونه، سلیم‌آبادی و همکاران در مطالعه‌ای در یزد (۱۳۸۸)، میزان آلودگی کنه‌های سخت به ویروس هموراژیک کریمهٔ کنگو را ۵/۷ درصد تعیین کردند (۳۷). سارانی و همکاران نیز در مطالعه‌ای در استان گلستان در سال ۱۳۸۹، میزان آلودگی کنه‌ها را ۵/۳ درصد اعلام نمودند (۳۱)؛ همچنین در تحقیق کریمی در سال ۱۳۹۱ در شهرستان کاشان، میزان آلودگی کنه‌های صیدشده تنها ۳/۱ درصد نشان داده‌شده است (۲۹). به‌نظر می‌رسد، میزان آلودگی کنه‌ها در سال‌های پس از ۱۳۸۳، در سطح کشور روندی کاهشی داشته است، هرچند علت افزایش تعداد موارد بیماری در بازه زمانی سه سال پیش از گزارش چینی‌کار و همکاران همچنان نامشخص باقی‌مانده است (۳۸). مشابه تفاوت مشاهده‌شده در میزان آلودگی کنه‌ها به ویروس هموراژیک کریمهٔ کنگو در مطالعات یادشده، در گونه‌های صیدشده و میزان آلودگی گونه‌های مشابه نیز برحسب استان و نوع مطالعه، تفاوت‌های چشمگیری دیده می‌شود.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

محدودیت‌ها: مطالعه تنها در استان ایلام انجام شد و به همین علت، نتایج قابل تعمیم به سایر مناطق کشور نیست. نمونه‌گیری در یک بازه زمانی مشخص انجام گردید و به علت ماهیت فصلی فعالیت کنه‌ها و گردش ویروس ممکن است الگوی کامل شیوع در طول سال را پوشش ندهد؛ همچنین استفاده از روش مولکولی تنها حضور ژنوم ویروس را نشان می‌دهد و قادر به تأیید قابلیت عفونت‌زایی یا زنده بودن ویروس نیست. حجم نمونه در برخی گروه‌ها مانند گونه‌های مختلف کنه به تفکیک کافی نبود و ممکن است برآورد دقیق شیوع را تحت تأثیر قرار دهد.

نتایج این مطالعه نشان‌دهندهٔ تنوع چشمگیر گونه‌های کنه‌های سخت در منطقهٔ مطالعه‌شده است، به‌طوری‌که جنس *هیالوما* به‌عنوان غالب‌ترین جنس و گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* با فراوانی ۳۷ درصد به‌عنوان گونهٔ پیشرو شناسایی شد. با توجه به نقش شناخته‌شدهٔ این گونه در انتقال ویروس تب خونریزی‌دهندهٔ کریمهٔ کنگو، فراوانی بالای آن در منطقه می‌تواند یک هشدار بهداشتی برای پایش مستمر بیماری به‌شمار رود. شناسایی آلودگی ویروسی در ۳ درصد از پول‌های کنه‌ای (که همگی متعلق به گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* بودند) و همچنین تأیید آلودگی در جمعیت گوسفندان با میزان شیوع ۱/۰۵درصد، بیان‌کنندهٔ گردش فعال ویروس CCHFV در چرخهٔ کنه–دام در منطقه است. نکتهٔ حائز اهمیت تمرکز موارد مثبت (هم در کنه‌ها و هم در دام‌ها) در شهرستان ایوان است که این منطقه را به‌عنوان کانون احتمالی آلودگی برجسته می‌سازد. مشاهده نشدن آلودگی در بزها و گاوها در مقایسه با گوسفندان، اهمیت تمرکز اقدامات پیشگیرانه روی گوسفندان را در برنامه‌های کنترل بیماری نشان می‌دهد. با توجه به یافته‌های این مطالعه پیشنهاد می‌شود، برنامه‌های کنترل جمعیت کنه‌ها به‌ویژه در شهرستان ایوان، با اولویت‌بندی گونهٔ *هیالوما* اجرا گردد؛ همچنین پیشنهاد می‌شود، در پژوهش‌های بعدی علاوه بر روش مولکولی، از کشت سلولی، سنجش آنتی‌بادی و تعیین توالی ژنی برای تأیید قابلیت عفونت‌زایی و بررسی تنوع ژنتیکی جدایه‌ها استفاده گردد؛ همچنین آموزش دامداران و ارتقای دستگاه‌های مراقبت اپیدمیولوژیک در این مناطق برای کاهش ریسک انتقال بیماری به انسان و دام، از ضروریات اقدامات بهداشتی پیش‌رو است.

سپاس‌گزاری

ازدانشگاه آزاد واحد شهر قدس و دانشگاه علوم پزشکی ایلام برای همکاری در انجام این تحقیق تقدیر و تشکر می‌گردد.

تعارض منافع

نویسندگان اعلام می‌کنند که تضاد منافعی در این مقاله وجود ندارد.

کد اخلاق

این مطالعه پس از تأیید کمیتهٔ اخلاق در پژوهش دانشگاه علوم پزشکی ایلام با کد اخلاق IR.MEDILAM.REC.1399.133 انجام گردید.

حمایت مالی

این مقاله از طرف هیچ‌گونه نهاد یا مؤسسه‌ای حمایت مالی نشده و همهٔ منابع مالی آن از سوی نویسندگان تأمین‌شده است.

مشارکت نویسندگان

تمامی نویسندگان در طراحی ایده پژوهش، جمع‌آوری داده‌ها، تحلیل آماری و نگارش متن نهایی مشارکت فعال داشته‌اند. همچنین، تمامی نویسندگان نسخه پیش‌نویس را به دقت مطالعه نموده و پس از اعمال اصلاحات نهایی، آن را تأیید کرده و مسئولیت صحت و اعتبار داده‌ها و نتایج پژوهش را بر عهده می‌گیرند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

References

1. Garrison AR, Alkhovsky SV, Avšič-Županc T, Bente DA, Bergeron É, Burt F, et al. ICTV virus taxonomy profile: Nairoviridae. J Gen Virol. 2020; 101:798-9. doi: 10.1099/jgv.0.001485.
2. Ilboudo AK, Oloo SO, Sircely J, Nijhof AM, Bett B. Spatial analysis and risk mapping of Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) in Sub-saharan Africa. Sci Rep. 2025; 15:2292. doi: 10.1038/s41598-025-85873-8.
3. Ahmed A, Ali Y, Salim B, Dietrich I, Zinsstag J. Epidemics of Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) in Sudan between 2010 and 2020. Microorganisms. 2022; 10:928. doi: 10.3390/microorganisms10050928.
4. Bowman AS, Nuttall PA. Ticks: biology, disease and control: Cambridge University Press; 2008.
5. Chinikar S, Ghiasi S, Ghalyanchi LA, Gouya M, Shirzadi M, Zeynali M, et al. An overview of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran. Iran J Microbiol. 2009; 1: 2008- 3280.
6. Hawman DW, Feldmann H. Crimean–Congo haemorrhagic fever virus. Nat Rev Microbiol. 2023; 21:463-77. doi: 10.1038/s41579-023-00871-9.
7. Frank MG, Weaver G, Raabe V. Crimean-Congo hemorrhagic fever virus for clinicians—Virology, pathogenesis, and pathology. Emerg Infect Dis. 2024; 30:847. doi: 10.3201/eid3005.231646.
8. Haghi FM, Razmi G, Fakhar M, Mohammadpoor RA. The hard ticks (Ixodidae) fauna of livestock in Sari suburb, Northern Iran. Comp Clin Pathol. 2013; 22:5-8. doi: 1 0.1007/s00580-011-1361-x.
9. Nasibeh HV, Zakkyeh T, Hassan V, Reza YEM, Morteza HV, Ali OM. Survey of tick species parasiting domestic ruminants in Ghaemshahr county, Mazandaran province, Iran. Asian Pac J Trop Med. 2010; 3:804-6. doi: 10.1016/S1995-7645(10)60193-9.
10. Hosseini A, Dalimi A, Abdigoudarzi M. Morphometric study on male specimens of Hyalomma anatolicum (Acari: Ixodidae) in west of Iran. Iran J Arthropod Borne Dis. 2011; 5:23.
11. AL-Shauwreed AKM, Hamadi SS, Issa AH, Saud HA, Alshami IJJ, Fares MN. Evolutionary and historical study of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (CCHFV). Med J Basrah Univ. 2023; 41:12-25. doi: 10.33762/mjbu.2023.143502.1159.
12. Tavassoli M, Ahrabi SZ, Akyildiz G, Keles AG, editors. Crimean-Congo hemorrhagic fever, transfer patterns, vectors and history in Iran and neighboring countries. Vet Res Forum. 2024; 1(1): 1-12. doi: 10.30466/vrf.2024.2022437.4162.
13. Asadolahizoj S, Saadati D, Rasekh M, Faghihi F, Fazlalipour M, Jafari AS. No detection of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in hard ticks (Ixodidae) from a highly endemic area in Southeast Iran. J Med Microbiol Infect Dis. 2022; 10:30-5. doi: 10.52547/JoMMID.10.1.30.
14. Simo Tchetgna H, Yousseu FS, Cosset F-L, de Freitas NB, Kamgang B, McCall PJ, et al. Molecular and serological evidence of Crimean-Congo hemorrhagic fever orthonairovirus prevalence in livestock and ticks in Cameroon. Front Cell Infect Microbiol. 2023; 13:1132495. doi: 10.3389/fcimb.2023.1132495.
15. Mourya DT, Yadav PD, Shete AM, Sathe PS, Sarkale PC, Pattnaik B, et al. Cross-sectional serosurvey of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus IgG in livestock, India, 2013–2014. Emerg Infect Dis. 2015; 21:1837. doi: 10.3201/eid2110.150493.
16. Argimbayeva T. Seromonitoring of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Farm Animals. Nauka Obraz. 2023; 1:68-76. doi:10.52578/2305-9397-2023-4-1-68-76.
17. Nurmakhanov T, Tukhanova N, Sayakova Z, Sadovskaya V, Shevtsov A, Tokmurziyeva G, et al. Outcome of the entomological monitoring for Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in the western and southern regions of Kazakhstan in 2021–2022. Front Epidemiol. 2024; 4:1310071. doi: 10.3389/fepid.2024.1310071.
18. Yessinou RE, Farougou S, Olopade JO, Oluwayelu DO, Happi A, Happi C, et al. Seroprevalence and risk factors of Crimean–Congo hemorrhagic fever exposure in wild and domestic animals in Benin. Viruses. 2025; 17:387. doi: 10.3390/v17030387.
19. Matthews J, Secka A, McVey DS, Dodd KA, Faburay B. Serological prevalence of Crimean–Congo hemorrhagic fever virus infection in small ruminants and cattle in the Gambia. Pathogens. 2023; 12:749. doi: 10.3390/pathogens12060749.
20. Chinikar S, Ghiasi S, Hewson R, Moradi M, Haeri A. Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran and neighboring countries. J Clin Virol. 2010; 47:110-4. doi: 10.1016/j.jcv.2009.10.014.
21. Khakifirouz S, Mowla SJ, Baniasadi V, Fazlalipour M, Jalali T, Mirghiasi SM, et al. No detection of Crimean Congo hemorrhagic fever (CCHF) virus in ticks from Kerman Province of Iran. JoMMID. 2018;6:108-11. doi: 10.29252/jommid.6.4.108.
22. Salehi VM, Salmanzadeh S, Baniasadi V, Jalali T, Mohammadi T, Azad MS, et al. An Outbreak of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the SouthWest of Iran (Case Report).

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

Jundishapur J Microbiol. 2017;10(1): e60196. doi: 10.5812/jjm.60196.
23. Karamese M, Ozmen E, Aydin H, Timurkan MO, Fakirullahoglu M. Molecular characterization of small and medium segments of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Turkey. Future Virol. 2020;15(4):245-52. doi: 10.2217/fvl-2019-0158.
24. Gulzhan A, Polukchi T, Berdaliyeva F, Aliyev D. The Influence of Climatic Conditions on The Prevalence of Congo-Crimean Hemorrhagic Fever in The World. Nauka Zdravookhr. 2023;25(4):241-5. doi: 10.34689/SH.2023.25.4.025.
25. Mostafavi E, Chinikar S, Bokaei S, Haghdoost A. Temporal modeling of Crimean-Congo hemorrhagic fever in eastern Iran. Int J Infect Dis. 2013;17(7): e524-e8. doi: 10.1016/j.ijid.2013.01.010.
26. Lizinfeld I, Pshenichnaya N, Parolina L. A comprehensive analysis of climate change impact on crimean-congo hemorrhagic fever spread (Russia, Kazakhstan, Turkey and Iran from 1999 to 2022). Int J Infect Dis. 2025; 152:107465. doi: 10.1016/j.ijid.2024.107465.
27. Narendar R, Krishnan J. Climate Change and Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF). The Changing Trends of Vector-Borne Diseases to Climate Change. Bentham Science Publishers; 2025. doi: 10.2174/9789815238243125010010.
28. Tighi. [Survey on the Argasidae and Ixodidae ticks to CCHF virus by RT-PCR method and detection of its' IgG antibody in livestock and the at-risk human cases in Bonad and Sarab]. Tehran: Tehran University of Medical Sciences; 2006.
29. Karimi F. [Determination of viral infection rate of hard ticks for Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) and their distribution pattern using Geographic Information System (GIS) in the Kashan District, Isfahan Province]. Tehran: Tehran University of Medical Sciences; 2013.
30. Tahmasebi F, Ghiasi S, Mostafavi E, Moradi M, Piazak N, Mozafari A, et al. Molecular epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus genome isolated from ticks of Hamadan province of Iran. J Vector Borne Dis. 2010;47(4):211-6.
31. Sarani. [Determine the Distribution of Hard Ticks Infected with the Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Using GIS in Selected Cities of Golestan Province]. Tehran: Tehran University of Medical Sciences; 2010.
32. Telmadarraiy Z, Bahrami A, Vatandoost H. A survey on fauna of ticks in West Azerbaijan Province, Iran. Iran J Public Health. 2004;33(4):65-9.
33. Tsapko N, Dubyansky V, Gazieva AY, Ashibokov U, Volynkina A. Infection rate in the population of ticks Hyalomma marginatum in the territory of the Crimean hemorrhagic fever (CHF) natural focus and assessment of the link with the CHF incidence in the Stavropol Region. Probl Osob Opasnykh Infekts. 2021;(1):140-7. doi: 10.21055/0370-1069-2021-1-140-147.
34. Celina SS, Černý J. Hyalomma marginatum in Europe: The Past, Current Status, and Future Challenges—A Systematic Review. Transbound Emerg Dis. 2025;2025(1):7771431. doi: 10.1155/tbed/7771431.
35. Kulyaisan. The Prevalence and Genetic Variants of the CCHF Virus Circulating among Ticks in the Southern Regions of Kazakhstan. Pathogens. 2022;11(8):841. doi: 10.3390/pathogens11080841.
36. Farhadpour F, Telmadarraiy Z, Chinikar S, Akbarzadeh K, Moemenbellah-Fard M, Faghihi F, et al. Molecular detection of Crimean–Congo haemorrhagic fever virus in ticks collected from infested livestock populations in a New Endemic Area, South of Iran. Trop Med Int Health. 2016; 21:340-7. doi: 10.1111/tmi.12667.
37. 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 Pac J Trop Med. 2011; 4:61-3. doi: 10.1016/S1995-7645(11)60034-5.
38. Chinikar S, Ghiasi SM, Moradi M, Goya MM, Shirzadi MR, Zeinali M, et al. Geographical distribution and surveillance of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Iran. Vector Borne Zoonotic Dis. 2010; 10:705-8. doi: 10.1089/vbz.2009.0247.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]