

شناسایی مؤلفه‌های مؤثر بر آلودگی مزارع طیور گوشتی استان قزوین به ویروس آنفلوانزای پرندگان (تحت تیپ H9N2) طی سال‌های 96-1395: یک مطالعه کوهورت

کامران میرزائی¹، عبدالحمید شوشتری²، سعید بکائی³، محمدحسین فلاح مهرآبادی²، سید مصطفی پیغمبری⁴

¹متخصص اپیدمیولوژی، دفتر بهداشت و مدیریت بیماری‌های طیور، سازمان دامپزشکی کشور، تهران، ایران

²استادیار پژوهش بخش تحقیقات بیماری‌های طیور، موسسه تحقیقات واکسن و سرم‌سازی رازی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

³استاد، بخش بهداشت و کنترل کیفیت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه تهران، تهران، ایران

⁴استاد، بخش بیماری‌های طیور، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه تهران، تهران، ایران

نویسنده رابط: سعید بکائی، نشانی: تهران، خیابان آزادی، نبش خیابان دکتر قریب، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تلفن: 61117000، پست الکترونیک: sbokaie@ut.ac.ir

تاریخ دریافت: 98/9/21؛ پذیرش: 99/03/03

مقدمه و اهداف: تحت تیپ H9N2 ویروس آنفلوانزای طیور در ایران بومی بوده و گردش این ویروس در مقیاس وسیع در طیور صنعتی اثرات مخربی را در کشور ایجاد می‌نماید. هدف از انجام این مطالعه، تعیین مؤثرترین مؤلفه‌ها بر بروز آلودگی در مزارع گوشتی است.

روش کار: در این راستا یک مطالعه کوهورت از تیرماه سال 1395 تا آذرماه سال 1396 در مزارع پرورش طیور گوشتی در استان قزوین به انجام رسید و طی آن از 34 مزرعه طیور گوشتی استان قزوین به صورت تصادفی نمونه‌گیری به عمل آمد و یافته‌های مربوطه مورد تجزیه و تحلیل‌های آماری قرار گرفتند

یافته‌ها: از بین 34 مزرعه وارد شده در این مطالعه، نمونه‌های اخذ شده از 16 مزرعه در آزمایش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) مثبت بودند. در تحلیل‌های تک متغیره، اثر متغیرهای کیفی "نوع حصار اطراف واحد"، "امنیت زیستی" و "وضعیت سیستم خنک‌کننده" و همچنین متغیرهای کمی "میانگین تیتراژ آنتی‌بادی مادری"، "ارتفاع"، "نزدیکی به مسیرهای تردد عمومی" و "تعداد واحد در شعاع 1 کیلومتری" در بروز عفونت معنی‌دار شدند ($P < 0.05$). اما در مدل چند متغیره، تنها اثر متغیرهای "امنیت زیستی" و "وضعیت سیستم خنک‌کننده" در بروز عفونت معنی‌دار بودند ($P < 0.05$).

نتیجه‌گیری: با توجه به یافته‌های این مطالعه، به منظور کاهش انتشار عفونت و خسارات ناشی از آن، لازم است تأکید بیشتری بر رعایت اصول امنیت زیستی در مزارع گوشتی استان قزوین و همچنین در سراسر کشور صورت پذیرد.

واژگان کلیدی: مؤلفه‌های آلودگی به آنفلوانزا، تحت تیپ H9N2، واکنش زنجیره ای پلیمرز، فارم‌های گوشتی، قزوین

مقدمه

می‌باشند که باعث افزایش بیماری‌زایی آن‌ها در انسان می‌گردد و قابل توجه است که تاکنون همه ویروس‌های آنفلوانزای پرندگان که در انسان کشنده هستند، مانند تحت تیپ‌های H5N1 و H7N9 ژن‌های داخلی‌شان را از تحت تیپ H9N2 دریافت نموده‌اند (3).

انتقال بین‌گونه‌ای ویروس H9N2 از طیور به خوک (که به‌عنوان مخلوط‌کننده ویروس‌های آنفلوانزا معروف است) و بلدرچین، گزارش شده است. این عوامل، نگرانی در خصوص بروز پاندمی و ایجاد تهدیدی جدی علیه سلامت عمومی از سوی ویروس آنفلوانزای H9N2 را تقویت می‌نمایند (4). این نگرانی در خصوص خطر ناشی از ویروس‌های آنفلوانزای نوع A پرندگان برای جمعیت‌های انسانی، علاوه بر رخداد موارد انفرادی انتقال از پرند به انسان، به دلیل تکامل ژنی و احتمال بازآرایی ژنی با ویروس‌های انسانی، از اهمیت بالایی برخوردار است (5). مطالعات جدید نشان

ویروس H9N2 شایع‌ترین ویروس آنفلوانزای پرندگان در جمعیت‌های طیور جهان است. این ویروس برای اولین بار در دهه 1960 در امریکا شناسایی شد و در دهه 1990 در جمعیت طیور آسیا انتشار یافت. از اواخر دهه 1990، حداقل 15 مورد بیمار انسانی آلوده به ویروس H9N2 در هنگ‌کنگ در جنوب چین گزارش شده است. حوالی سال 2000 و پس‌از آن نیز، ویروس H9N2 از کشورهای خاورمیانه گزارش شده و گسترش یافت و مشکلات جدی در صنعت پرورش طیور ایران، پاکستان، عربستان، و امارات ایجاد نمود (1).

از سال 2000 به بعد محققین ویروس را در ایران جداسازی و گزارش نمودند و در حال حاضر این ویروس، شایع‌ترین تحت تیپ ویروس آنفلوانزای پرندگان، در طیور صنعتی ایران است (2). ویروس‌های H9N2 توانایی بازآرایی با ویروس‌های انسانی را دارا

تعداد 17 گله در هر گروه (دارای مواجهه و بدون مواجهه) و در مجموع 34 گله در سطح استان تعیین گردید (8). این تعداد حجم نمونه برای تأمین 80% قدرت مطالعه، جهت شناسایی خطر نسبی حدود 2 با 95% اطمینان، با فرض میزان حمله در جمعیت عدم مواجهه مساوی با 0,5، کفایت می‌نماید.

تعداد نمونه سواب اخذ شده از هر گله

با استفاده از آزمایش PCR نمونه‌های سواب کلوک و نای، با فرض دفع ویروس توسط 5 درصد جوجه‌ها در هر گله (9) و سطح اطمینان 95%، در هر مرحله بازدید، تعداد 60 نمونه سواب از هر گله اخذ گردد (10).

نمونه‌برداری و اخذ داده‌ها

این مطالعه از ابتدای تیرماه سال 1395 شروع شده و تا اواخر آذرماه سال 1396، مجموعاً به مدت 18 ماه به طول انجامید و 34 مزرعه گوشتی فعال به صورت تصادفی انتخاب و وارد مطالعه شدند. به‌منظور تعیین آلودگی گله به عفونت ناشی از آنفلوآنزای پرندگان (تحت تیپ H9N2)، در هر یک از واحدهای مورد مطالعه ضمن بازدید از مزرعه در سنین 3، 10، 20، 30، 40 و 50 روزگی، و در برخی موارد که طول دوره پرورش بیشتر بود، در انتهای دوره پرورش در زمان ارسال گله به کشتارگاه، نمونه‌ها در هر مرحله از هر گله به تعداد 60 عدد سواب کلوک و نای اخذ شده و در لوله‌های مخصوص قرار گرفته و بعد از کدگذاری و ثبت اطلاعات مربوط به محل نمونه‌برداری و مشخصات گله مورد مطالعه، در فریزر 20- درجه سانتی‌گراد قرار می‌گرفت تا در مراحل بعدی مورد آزمایش PCR قرار گیرند. هم‌زمان با بازدید مرحله اول (سن 3 روزگی) مصاحبه با مرغدار و تکمیل پرسشنامه نیز که به‌منظور تعیین مؤلفه‌های اصلی بیماری و بخصوص عوامل خطر مؤثر در بروز عفونت، بر اساس نظر کارشناسان خبره و مرور مقالات مرتبط تهیه شده بود، انجام شد (11).

از آنجاکه یکی از پیش‌فرض‌های این نوع مطالعات به‌عنوان یک مطالعه کوهورت منفرد¹ اطمینان از عدم ابتلای واحدهای مورد مطالعه به پیامد مورد نظر در ابتدای مطالعه است (8)، لذا هر واحدی که در مرحله اول نمونه‌گیری (روز 3) نتایج مثبت PCR نشان می‌داد، از مطالعه خارج می‌گردید.

در نهایت داده‌های حاصل از مطالعه، مورد بررسی و

داده‌اند که اهمیت انتشار وسیع ویروس‌های H9N2، نه‌تنها از این‌رو است که توانایی ایجاد پاندمی آنفلوآنزا را دارند، بلکه بدین دلیل است که ممکن است به‌عنوان حاملینی برای ارائه تحت تیپ‌های مختلف ویروس‌های آنفلوآنزا، مانند H7N9 یا H10N8 از گونه‌های پرندگان به انسان عمل نمایند (6).

با توجه به اهمیت ویروس H9N2، به جهت توانایی ایجاد جهش و تبدیل به فرم فوق حاد و انتقال به انسان از یک‌طرف، و خسارات اقتصادی وارده به صنعت طیور کشور از سوی دیگر، اجرای برنامه‌های کنترلی جهت جلوگیری از چرخش این ویروس در جمعیت طیور سراسر کشور از اهمیت بالایی برخوردار است. در این‌بین، کشورمان ایران به دلیل بومی بودن H9N2 در آن و همچنین قرار گرفتن در دو مسیر مهاجرت عمده پرندگان آبی در سطح جهان (آسیای غربی-آفریقای شرقی، و دریای سیاه-مدیترانه)، از موقعیت مهمی برخوردار بوده و می‌بایست به‌منظور کاهش احتمال ایجاد پدیده بازآرایی و یا نوترکیبی ویروس H5N1 و جلوگیری از بروز ژنو تیپ‌های جدید ویروس H9N2، در مورد پیشگیری طولانی‌مدت بیماری آنفلوآنزا اقدامی جدی به عمل آورد (7). بدیهی است که برای اعمال مؤثرترین شیوه‌های پیشگیری، ضرورت دارد که دقیق‌ترین داده‌های علمی درباره ویروس آنفلوآنزا در دسترس باشد و در این راستا لزوم بررسی شیوع، الگوهای زمانی-مکانی، و عوامل خطر بروز این بیماری در کشور بر کسی پوشیده نیست؛ لذا مطالعه حاضر راه‌اندازی شد تا قدم مؤثری باشد در راستای کنترل این بیماری در سطح کشور.

روش کار

در این مطالعه که به شکل کوهورت طراحی شد، از مزارع طیور گوشتی واکسینه شده و بدون سابقه واکسن در استان قزوین به صورت تصادفی نمونه‌گیری به عمل آمد؛ تا پس از پیگیری لازم و تعیین وضعیت آنها در خصوص درگیری و یا عدم درگیری به آلودگی ویروسی، یافته‌های مربوطه مورد تجزیه و تحلیل‌های آماری قرار گیرند.

بر اساس فرمول "محاسبه حداقل حجم نمونه در هر گروه آزمایشی در مطالعات مشاهده‌ای طولی" و بر اساس پیش‌بینی میزان بروز در گروه دارای مواجهه (عدم واکسینه)، و پیش‌بینی میزان بروز در گروه بدون مواجهه (واکسینه) از مطالعات قبل و نظر کارشناسان و دامپزشکان خبره سازمان دامپزشکی کشور و بخش خصوصی، به ترتیب به میزان حدود 0/95 و 0/50، در جمعیت واحدهای گوشتی فعال استان قزوین، حجم نمونه حداقل

¹ Single Cohort

تجزیه و تحلیل‌های آماری قرار گرفت.

تجزیه و تحلیل‌های آماری

برای توصیف داده‌ها، برای داده‌های کمی، میانگین حسابی آن‌ها و برای داده‌های کیفی، فراوانی آن‌ها بیان گردید. تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل، از طریق تجزیه و تحلیل‌های آماری تک متغیره با استفاده از محاسبه نسبت‌های خطر² برای هر متغیر کیفی، و محاسبه اختلاف بین میانگین‌ها برای هر متغیر کمی، و همچنین با استفاده از تجزیه و تحلیل‌های آماری چند متغیره انجام شد. در ابتدا نرمالیتی متغیرهای کمی با آزمون کولموگروف اسمیرنوف³ بررسی گردیدند. در صورت نرمال بودن داده‌ها، با استفاده از آزمون تی⁴، و در صورت نرمال نبودن و نرمال نشدن داده‌ها، با استفاده از آزمون ناپارامتری یومن ویتنی⁵ برای متغیرهای مستقل، تحلیل‌های آماری انجام شد. تمامی متغیرهای کیفی مستقل با استفاده از آزمون مربع کای⁶ یا آزمون دقیق فیشر⁷ (در صورتی که مقدار مورد انتظار بیش از 80% از خانه‌های جدول توافقی کمتر از 5 باشد)، و متغیرهای کیفی وابسته نیز با استفاده از آزمون مک-نمار⁸ مورد تحلیل آماری قرار گرفتند و در تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره نیز از آزمون رگرسیون لجستیک استفاده گردید. جهت تهیه مدل نهایی رگرسیون لجستیک متغیرهایی که در تجزیه و تحلیل‌های تک متغیره دارای $P < 0.2$ بودند وارد مدل شدند و با استفاده از مدل Enter، ساخت مدل نهایی انجام گرفت. تمامی تحلیل‌های آماری داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS ورژن 22 انجام شد و در تمامی موارد سطح اطمینان 95% ($p < 0.05$) به‌عنوان سطح معنی‌داری آماری مدنظر قرار گرفت.

باهدف کاهش چند هم‌خطی⁹ در بین متغیرهای مؤثر در بروز عفونت، میزان عامل تورم واریانس¹⁰ محاسبه شده و متغیرهایی که این ضریب برای آن‌ها بالای 10 به دست آمد، از مدل حذف گردیدند. ضمناً علاوه بر محاسبه VIF، شاخص‌سازی¹¹ در مورد متغیرهای مربوط به امنیت زیستی در این مطالعه انجام شد و

متغیر جدید "امنیت زیستی" ایجاد گردید. درواقع متغیر "امنیت زیستی" از متغیرهای "نحوه دفع تلفات"، "تعداد واحد در شعاع 10 کیلومتری"، "فاصله تا نزدیک‌ترین واحد پرورش اردک سانان"، "فاصله تا نزدیک‌ترین دریاچه"، "نزدیکی به مسیرهای تردد عمومی"، "نوع حصار اطراف واحد" و "وضعیت ضدعفونی دان مصرفی" ایجاد شد و این متغیر جدید، بجای هفت متغیر فوق‌الذکر، وارد مدل نهایی شد. درنهایت برازش مدل لجستیک با استفاده از آزمون هاسمر لمشو¹² بررسی گردید.

روش انجام آزمایش مولکولی (PCR)

در هر مرحله از نمونه‌برداری، هر 5 نمونه سواب نای یا کلوک باهم مخلوط شده و در سوسپانسیون 10% با PBS حاوی 100 واحد پنی‌سیلین 100 میکروگرم استرپتومایسین و 80 میکروگرم جنتاماسین در میلی‌لیتر قرار گرفت و در فریز 20 - درجه سانتی‌گراد برای آزمایش‌های مولکولی نگهداری شد.

آزمایش مولکولی (Real Time RT-PCR) مطابق دستورالعمل آزمایشگاه فرانس OIE/FAO پادوای ایتالیا (ZS Ve. Legnaro-Padova) جهت تعیین حضور ویروس انجام گرفت (12).

جهت جداسازی RNA ویروس از مایع آلانتوئیک از کیت High pure viral Nucleic Acid Kit (Roche, Germany) استفاده شد.

یافته‌ها

نتایج توصیفی

درکل 34 مزرعه پرورش طیور گوشتی از شش شهرستان مختلف استان قزوین در مطالعه وارد شدند. در شهرستان‌های آبیک، البرز، آوج، بوئین‌زهرا، قزوین و تاکستان، به ترتیب تعداد 7، 4، 6، 5، 6 و 6 گله مورد مطالعه و نمونه‌گیری قرار گرفت.

در فصول بهار و پائیز، هرکدام 8 مزرعه، و در فصول تابستان و زمستان، هرکدام 9 مزرعه تحت پوشش نمونه‌برداری واقع شدند. درکل از مزارع انتخاب‌شده، به‌منظور تکمیل پرسشنامه‌ها و اخذ نمونه‌های مولکولی، نزدیک به 200 بازدید به عمل آمد و مجموعاً بیش از 12500 نمونه سواب کلوک و نای از گله‌های تحت پوشش این مطالعه اخذ گردید.

نیمی از واحدهای واردشده در این مطالعه (17 مزرعه)، تحت پوشش واکسیناسیون با استفاده از واکسن‌های کشته آنفلوانزای H9N2 از 6 شرکت سازنده مختلف داخلی و خارجی قرار داشتند.

¹ Relative Risk (RR)

² Kolmogorov-smirnov Test

³ Independent samples T-test

⁴ Mann-whitney U test

⁵ Chi square test

⁶ Fishers exact test

⁷ McNemar Test

⁸ Multicollinearity

⁹ Variance Inflation Factor

¹⁰ Creation of Indexes

¹¹ Hosmer and Lemeshow T

در تجزیه و تحلیل‌های تک متغیره، نسبت تعداد واحدهای درگیر عفونت به تعداد واحدهای غیر درگیر برحسب متغیرهای کیفی مختلف، با استفاده از آزمون Chi-Square مورد مقایسه قرار گرفت که از بین متغیرهای کیفی مورد مطالعه، متغیرهای "نوع حصار اطراف واحد"، "وضعیت سیستم خنک‌کننده" و "امنیت زیستی" در آزمون مربع کای تفاوت معنی‌داری در نسبت واحدهای آلوده به واحدهای پاک نشان دادند ($P < 0/05$).

ضمناً میانگین تعداد واحدهای درگیر بیماری با میانگین تعداد واحدهای غیر درگیر، برحسب متغیرهای کمی مختلف، با استفاده از آزمون T-test مورد مقایسه قرار گرفت که از بین متغیرهای کمی مورد مطالعه نیز متغیرهای "میانگین تیترا مادری"، "ارتفاع"، و "نزدیکی به مسیرهای تردد عمومی" در آزمون T-test و متغیر "تعداد واحد در شعاع 1 کیلومتری" در آزمون یو من ویتنی، تفاوت معنی‌داری در میانگین واحدهای آلوده نسبت به واحدهای پاک نشان دادند ($P < 0/05$).

آنالیز رگرسیون لجستیک چند متغیره

علاوه بر متغیرهای معنی‌دار شده در تجزیه و تحلیل‌های تک متغیره، کلیه متغیرهای دارای p-value کمتر از 0,2 نیز وارد مدل چند متغیره شدند و پس از حذف متغیرهای با همبستگی بالا که دارای ضریب عامل تورم واریانس (VIF) بزرگ‌تر از 10 بودند، و همچنین متغیرهای مشارکت‌کننده در ساخت متغیر جدید "امنیت زیستی" (شاخص سازی) از مدل نهایی؛ همان‌طور که در جدول شماره 3 نمایش داده شده است، در مدل رگرسیون لجستیک پس از کنترل مخدوش‌گرها، تنها متغیرهای "امنیت زیستی" و "وضعیت سیستم خنک‌کننده" به‌عنوان عوامل خطر بروز عفونت، معنی‌دار شدند ($P < 0.05$).

این 17 واحد، واکسیناسیون علیه آنفلوانزا را در روزهای 1، 4، 5، 6، 7، 9 و 11 دوره پرورش مورد استفاده قرار داده بودند. توزیع مکانی واحدهای مورد مطالعه واکسینه شده و غیر واکسینه در جدول شماره 1 آمده است.

از بین واحدهای مورد مطالعه، نتایج آزمایش‌های مولکولی نمونه‌های سواب کلوک و نای 16 واحد اپیدمیولوژیک، مثبت بودند، لذا بروز عفونت آنفلوانزای H9N2 در واحدهای گوشتی مورد مطالعه طی سال‌های 95-96 برابر با 47% (فاصله اطمینان: 30%-64%) محاسبه گردید. از این 16 واحد، 6 واحد مربوط به گروه واحدهای غیر واکسینه، و 10 واحد مربوط به گروه واحدهای واکسینه بود. تعداد 2 نمونه مثبت در جوجه‌های 20 روزه، 4 نمونه مثبت در جوجه‌های 30 روزه، 9 نمونه مثبت در جوجه‌های 40 روزه، و 1 نمونه مثبت در جوجه‌های 50 روزه، مشاهده گردید. میزان بروز در نژاد رأس، 56% (فاصله اطمینان: 37%-75%)، در نژاد کاب 14,2% (فاصله اطمینان: 12%-40%) و در نژاد آربوراکرز 100% بود و میزان بروز عفونت در واحدهای بدون سابقه بیماری، 42% (فاصله اطمینان: 25%-59%) و در واحدهای دارای سابقه بیماری، 100% بود. میزان بروز برحسب بقیه متغیرها در جدول شماره 2 نمایش داده شده است.

هیچ‌کدام از واحدهای موجود در شهرستان آوج درگیر عفونت نشدند و شهرستان‌های تاکستان و قزوین هرکدام با 4 واحد آلوده، بیشترین واحدهای آلوده را در برداشتند. تعداد واحد درگیر عفونت در شهرستان‌های مختلف در نمودار شماره 1 به نمایش درآمده است. هیچ‌یک از واحدهای درگیر عفونت در اقلیم‌های "مرطوب فراسرد" و "مدیترانه‌ای فراسرد" مستقر نبودند و بیشترین واحد آلوده نیز مربوط به اقلیم "نیمه‌خشک سرد" با 7 مورد کانون آلوده بود.

نتایج تحلیلی

تجزیه و تحلیل‌های تک متغیره

جدول شماره 1- واحدهای نمونه‌برداری شده به تفکیک شهرستان و انجام یا عدم انجام واکسیناسیون

شهرستان	واحدهای غیر واکسینه	واحدهای واکسینه	مجموع
آبیک	5	2	7
البرز	2	2	4
آوج	5	1	6
بوئین زهرا	3	2	5
تاکستان	1	5	6
قزوین	1	5	6
مجموع	17	17	34

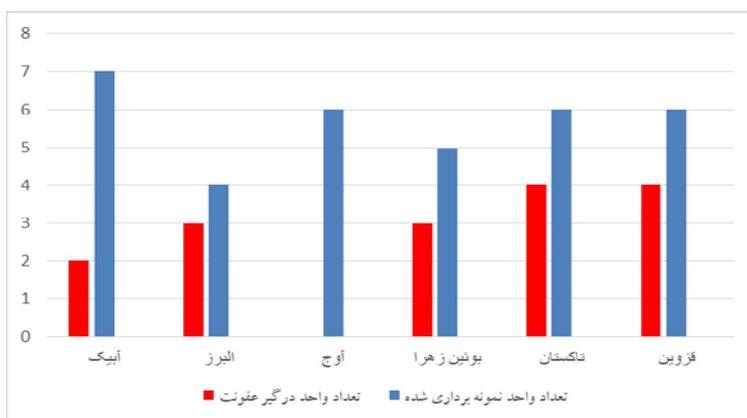
جدول شماره 2- بروز آلودگی در واحدهای مورد مطالعه برحسب متغیرهای مختلف

فاصله اطمینان		میزان بروز آلودگی (%)	وضعیت متغیر در واحدهای مورد مطالعه	متغیر مورد مطالعه
حد بالا (%)	حد پائین (%)			
70	10	40	بله	داشتن منابع آبی سرپوشیده 47%
64	30	47	خیر	
82	35	58	بله	استفاده از واکسن
58	13	35	خیر	
54	1	11	بله	داشتن حصار کامل در اطراف واحد
86	44	65	خیر	
65	8	36	بله	استفاده از دوش قرنطینه
75	34	54	خیر	
71	4	37	بله	داشتن حوضچه ضد عفونی فعال
67	33	50	خیر	
71	4	37	بله	داشتن سیستم خنک کننده مناسب ¹
74	37	55	خیر	
44	3	23	بله	داشتن امنیت زیستی مناسب
92	49	70	خیر	
50	10	25	بله	داشتن میانگین تیتراژ آنتی بادی مادری بیشتر از 7
80	39	59	خیر	
80	39	59	بله	ارتفاع کمتر از 1500 متر از سطح دریا
50	1	25	خیر	
87	10	33	بله	استقرار کمتر از 5 واحد در شعاع یک کیلومتری
66	31	48	خیر	
51	12	31	بله	داشتن فاصله بیشتر از 500 متر نسبت به مسیرهای تردد عمومی
92	59	81	خیر	

جدول شماره 3- تحلیل رگرسیون لجستیک چند متغیره

P_value	فاصله اطمینان 95%		نسبت شانسی	ضریب بتا	حالت (برای متغیرهای کیفی)	متغیر
	حد پائین/حد بالا	حد پائین				
0/01	0/473	0/004	0/041	-3/198	مناسب	امنیت زیستی
0/023	0/686	0/006	0/064	-2/754	مناسب	وضعیت سیستم خنک کننده
0/028	-	-	10/403	2/342	-	مقدار ثابت

¹ منظور از سیستم خنک کننده مناسب، سیستمی است که تمامی شرایط فنی مربوطه از جمله ایجاد فشار منفی مناسب، عدم خلل و فرج در سرتاسر سالن بطوریکه تنها راه ورود هوا، اینلت ها و یا ورودی سر سالن ها باشد و... را داشته باشد.



نمودار شماره 1 - تعداد واحد درگیر عفونت در شهرستان‌های مختلف

بحث

نتایج مثبت در این مطالعه مربوط به خانواده اردک سانان بوده است (9).

در مطالعه‌ای که توسط پور صفر و همکاران (1391) بر روی 550 نمونه سواب اخذ شده از کلوک اردک‌های بومی استان گیلان جهت ردیابی ویروس‌های آنفلوانزا (آزمایش RT-PCR) انجام گرفت، ویروس آنفلوانزای پرندگان در هیچ‌یک از نمونه‌های مورد آزمایش ردیابی نشد. آن‌ها علت آن را تأثیر اجرای برنامه‌های کنترل بیماری آنفلوانزای پرندگان، اجرای برنامه‌های آموزشی بکار گرفته شده توسط سازمان دامپزشکی کشور و رعایت اصول امنیت زیستی در گله‌های اردک بیان کردند (14).

درواقع یکی از مهم‌ترین دلایل تفاوت نتایج مطالعه حاضر با مطالعات قبلی و گزارش درصد بالای بروز عفونت نسبت به مطالعات قبل در این است که در مطالعه حاضر برخلاف مطالعات قبلی، نمونه‌گیری‌های متعدد تکراری در طول زمان انجام شد و به همین دلیل وضعیت واحدها از نظر آلودگی به ویروس در این مطالعه بیشتر مورد بررسی قرار گرفت و موارد منفی کاذب حذف گردید. این یکی از فواید انجام مطالعات کوهورت است که برای اولین بار در طیور گوشتی کشور برای تعیین بروز آلودگی به ویروس آنفلوانزای تحت حاد در این مطالعه بکار گرفته شد.

وانگ و همکاران (2014) با انجام متاآنالیز بر روی 15 مطالعه انجام شده باهدف تعیین مؤلفه‌های بروز آنفلوانزا، عمده‌ترین عوامل خطر بروز عفونت آنفلوانزای پرندگان در طیور را "شرایط محیطی (منابع آبی روباز، آلودگی فارم مجاور)"، "نگهداری دیگر حیوانات در مزرعه"، و "عدم ضدعفونی فارم" معرفی نمودند (15). بین تعداد سرم‌های مثبت، با "اندازه گله" و "قرار گرفتن در مسیر حرکت پرندگان وحشی مهاجر" نیز رابطه آماری مشاهده شده است (1).

با توجه به نتایج این مطالعه و بررسی‌ها و مطالعات متعدد قبلی انجام شده، ویروس H9N2 در کشور ما بومی بوده و بروز آن در بین واحدهای گوشتی استان قزوین در این مطالعه 47% به دست آمد. گرچه جدایه‌های ویروس آنفلوانزای H9N2 جدا شده در کشور جزء ویروس‌های با بیماری‌زایی پایین می‌باشند، اما در مزارع گوشتی با همراهی سایر عوامل بیماری‌زا باعث بروز عفونت در سطح بالا می‌گردد. البته باید توجه داشت باوجود شناسایی عفونت در تقریباً نیمی از گله‌های مورد مطالعه در این طرح، تلفات و علائم بالینی بیماری در هیچ‌کدام از واحدها مشاهده نگردید و این نشان‌دهنده این مطلب است که صرفاً مواجهه با این ویروس باعث رخداد بیماری بالینی و تلفات شدید نمی‌گردد.

برخی محققین در مطالعات خود نشان داده‌اند که واکسن آنفلوانزای تحت حاد در جلوگیری از بروز آلودگی کارایی زیادی نداشته؛ بلکه بیشتر در کاهش علائم و دفع ویروس مؤثر می‌باشند (13) درگیری نسبت بیشتری از واحدهای واکسینه شده (58%) در مقایسه با واحدهای غیر واکسینه (35%) نیز که در نتایج ذکر شده است، مؤید همین مطلب است. چراکه با عنایت به بومی بودن بیماری در کشور، باوجود دریافت واکسن، واحدهایی که در مناطق پرخطر قرار داشته‌اند به راحتی درگیر آلودگی شده‌اند.

فریدونی و همکاران (2010) با جداسازی ویروس و انجام آزمایش PCR بر روی 1146 نمونه اخذ شده از 45 گونه پرندگان آبری وحشی موجود در 6 استان مختلف کشور، شیوع آنفلوانزای با حدت کم را در این پرندگان نزدیک به 4% گزارش نمودند. البته ایشان اعلام نمودند که شیوع آنفلوانزا در این پرندگان بیش از این مقدار، و حدود 9% است. بیشترین نمونه‌های اخذ شده و بیشترین

بر اساس نتایج مطالعه مهرآبادی و همکاران (2015) وجود "بازار فروش پرندگان زنده" یکی از مهم‌ترین متغیرهای مؤثر در بروز آنفلوانزا است که در بیشتر مطالعات انجام‌گرفته در دنیا نیز این متغیر به‌عنوان مهم‌ترین عامل خطر شناسایی شده است (18). ولی در مطالعه حاضر، اثر این متغیر معنی‌دار نشد که دلیل آن احتمالاً مربوط به محدود بودن مطالعه به یک منطقه نه‌چندان وسیع استان قزوین است. به‌بیان‌دیگر در مطالعاتی که در سطح کشور انجام می‌شوند، از آنجاکه بازارچه‌های پرنده فروشی متعدد در فواصل مختلف از واحدهای اپیدمیولوژیک مورد مطالعه قابل بررسی می‌باشند، امکان مطالعه این متغیر بهتر فراهم خواهد بود.

مطالعات دیگر، اثر عدم رعایت اصول امنیت زیستی را نشان داده‌اند. وصفی و همکاران (2002) نشان دادند که انتقال کود مرغی از تهران و قزوین به مقصد استان‌های جنوبی کشور توسط کامیون‌های باری، سپس حمل خوراک از بنادر جنوبی به مقصد دیگر استان‌ها در سطح کشور با استفاده از همین کامیون‌ها بدون انجام عملیات ضدعفونی مناسب، عامل انتشار ویروس H9N2 در سراسر کشور است (19).

مهرآبادی و همکاران (2015) عامل خطر دیگری را مشابه نتایج مطالعه انجام‌گرفته توسط وصفی و همکاران (2010) معرفی نموده‌اند که عبارت است از "حمل‌ونقل طیور زنده در منطقه". همچنین این نتیجه مشابه نتایج مطالعه انجام‌گرفته در ترکیه است که "نزدیکی به شبکه‌های ارتباطی (راه‌های اصلی) و شهرها" در گسترش بیماری نقش داشته است و علت آن را تمایل احداث مزارع نزدیک شهرها و راه‌های ارتباطی برای دسترسی به بازارهای فروش بیان نموده‌اند. این موضوع در تطابق با نتایج مطالعه حاضر است؛ چراکه متغیر "نزدیکی به مسیرهای تردد عمومی" در این مطالعه معنی‌دار شده و میانگین فاصله واحدهای درگیر کمتر از واحدهای غیر درگیر بود. ایشان همچنین "سرد شدن هوا" را در گسترش بیماری مؤثر دانسته‌اند. در مصر نیز طغیان‌های آنفلوانزا به‌طور معنی‌داری با "تماس با پرندگان وحشی" و "حمل‌ونقل پرندگان" ارتباط داشته است (18).

در نیجریه با استفاده از مدل‌های GIS، ارتباط بین طغیان‌های آنفلوانزا و متغیرهایی همچون "تجارت"، "بازارهای فروش پرندگان زنده"، "عدم دفن بهداشتی لاشه" و "ضعف کاربرد شاخص‌های بهداشتی" نشان داده‌شده است (20). همچنین در مطالعه مقطعی صورت گرفته در ویرجینیا، "رها کردن پرندگان تلف‌شده"، به‌عنوان عامل خطر گسترش بیماری بیان شده است (21). این متغیر در مطالعه حاضر معنی‌دار نگردید که دلیل آن

مهرآبادی و همکاران (2016) طی یک مطالعه مقطعی در طیور بومی و پرندگان وحشی در کشور، ضمن بررسی عواملی همچون "اقلیم، نزدیکی به رودخانه، تالاب، یا دریاچه، کشتارگاه طیور، بازار پرنده فروشی، وجود واحد پرورش اردک یا دیگر طیور صنعتی در شعاع 3 کیلومتری، نزدیکی به مسیرهای حمل‌ونقل عمومی، عدم دفن بهداشتی تلفات و مصرف آن‌ها به‌عنوان خوراک دیگر دام‌ها، و منبع آب روستا"، نشان دادند که فقدان دفن بهداشتی لاشه‌ها، عامل خطری برای بروز عفونت است. همچنین اثر متغیر "آب‌وهوای سرد و مرطوب (نواحی کوهستانی)" را به‌عنوان یک عامل محافظت‌کننده در بروز آنفلوانزا گزارش نمودند. در واقع، شیوع بیماری در روستاهای واقع در نواحی کوهستانی، به‌طور معنی‌داری کمتر از دیگر روستاها بود. این موضوع گرچه عکس نتایج برخی مطالعات قبلی انجام‌شده در کشور است اما منطبق بر نتایج به‌دست‌آمده در این مطالعه است؛ چراکه بر اساس نتایج این مطالعه، اثر متغیر "ارتفاع" معنی‌دار بوده و بیماری بیشتر در ارتفاعات کمتر مشاهده گردید. البته از این تورش نباید غافل بود که این نتیجه ممکن است از این امر متأثر باشد که اصولاً تعداد واحدهای موجود در مناطق با ارتفاعات بالا، کمتر بوده و گزارش بیماری در آن‌ها نیز کمتر است (16).

وانگ و همکاران (2010) با استفاده از مدل رگرسیون لجستیک در تحلیل عوامل خطر مرتبط با آنفلوانزای پرندگان، نشان دادند که بروز آنفلوانزا در پرندگان وحشی با افزایش "شاخص پوشش گیاهی طبیعی (NDVI)² در ماه دسامبر"، "میانگین این شاخص در ماه مارس"، "ارتفاع پایین"، "افزایش حداقل دما در ماه ژانویه"، و "کاهش بارندگی در ماه ژانویه"، ارتباط بالایی دارا است. همچنین نقشه‌های خطر نشان می‌دهند که این بیماری در ارتباط با "افزایش دما" و "کاهش بارندگی" است (17).

مهرآبادی و همکاران (2015) "وجود مزرعه پرورش اردک"، "وجود محل استراحت پرندگان مهاجر در مسیر مهاجرت (توقف کوتاه‌مدت)" و "قرار داشتن دریاچه تا شعاع 3 کیلومتری واحد" را به‌عنوان عامل خطر بروز عفونت شناسایی نموده‌اند که متغیر اول در مطالعه حاضر نیز به‌عنوان یک متغیر دارای ارتباط قابل توجه با بروز عفونت شناسایی شد ($P=0/2$). متغیر آخر نیز در بررسی انجام‌گرفته توسط حیدرپور و همکاران نیز مؤثر تشخیص داده‌شده است؛ به‌طوری‌که بیشترین میزان شیوع بیماری در نزدیکی دریاچه‌ها و تالاب‌ها مشاهده‌شده است (1).

¹Normalized Difference Vegetation Index (NDVI)

خنک‌کننده سالن‌ها" و استفاده از "مه‌پاش"، "ارتقاء سطح ایمنی گله‌های مادر" و "افزایش میانگین تیتراژ مادری"، احداث مزارع در "ارتفاعات بالاتر"، و دارای فاصله دورتر نسبت به "مسیرهای تردد عمومی" و "دیگر واحدهای پرورش طیور"، استفاده از واکسن در "روزهای ابتدایی‌تر دوره پرورش" و "عدم پرورش در واحدهای دارای سابقه عفونت" و توجه به اولویت "پرورش طیور گوشتی در شهرستان‌های آبیک و آوج" و به‌طور کلی، حذف یا اصلاح مزارع دارای سطوح امنیت-زیستی پائین به‌مرورزمان (آمایش سرزمین)، جهت کنترل و پیشگیری از عفونت و کاهش خسارات آن در استان قزوین اهمیت دارد.

تکثیر و گردش بالای ویروس در منطقه، و عدم رعایت اصول امنیت زیستی در اکثر واحدها باعث انتشار ویروس به‌راحتی در بین مزارع می‌گردد، لذا تأکید بیشتر بر رعایت اصول امنیت زیستی از طریق آموزش ذینفعان و اعمال قوانین و مقررات سخت‌گیرانه در اصلاح ساختار مرغداری‌ها می‌تواند باعث کاهش انتشار عفونت و خسارات ناشی از آن در استان قزوین، و در نتیجه در کشور گردد.

تضاد منافع: این مطالعه هیچ‌گونه تضاد منافی ندارد.

احتمالاً عملکرد تقریباً مشابه همه مزارع صنعتی پرورش مرغ گوشتی در منطقه مورد مطالعه بود. چراکه اکثر مزارع لاشه طیور تلف‌شده را در کوره لاشه سوز می‌سوزانند یا آن‌ها را به چاه تلفات می‌اندازند؛ لذا تفاوت فاحشی در عملکرد مالکین مختلف وجود نداشته و عامل خطری در این زمینه معنی‌دار نشد.

به‌طور کلی، به نظر می‌رسد مطالعه بر روی آنفلوآنزای تحت حاد در شرایط بومی باهدف مشخص نمودن مؤلفه‌های بیماری با مشکلاتی همراه باشد. ازجمله اینکه، احتمالاً تکثیر و تزاید و حضور ویروس در سطح بالا باعث می‌شود بیماری در موقعیت‌های مختلف بروز نموده و در این شرایط مؤلفه‌های بروز عفونت به‌راحتی شناسایی نشوند. چراکه گردش بالای ویروس در بین مزارع از یک‌طرف، و عدم رعایت اصول امنیت زیستی در اکثر واحدها از طرف دیگر، احتمالاً تأثیر مؤلفه‌های مختلف بر بروز عفونت را تحت‌الشعاع قرار داده و نقش آن‌ها را در رخداد بیماری کم‌رنگ‌تر می‌نماید؛ و به بیانی ساده: "آلودگی تقریباً در هر شرایطی رخ می‌دهد".

نتیجه‌گیری

در نهایت با عنایت به شناسایی اثر متغیرهای معنی‌دار شده در این مطالعه، "دیوارکشی دور مزارع"، "بهبود وضعیت سیستم

منابع

- Hadipour MM, Habibi G, Vosoughi A. Prevalence of antibodies to H9N2 avian influenza virus in backyard chickens around Maharlou lake in Iran. *Pak Vet J.* 2011; 31: 192-4.
- Hablolvarid M. Influenza disease: a review on epidemiological studies, pathogenesis and genetically alteration upon the avian influenza viruses circulating in Iran, on the field of veterinary medicine and medicine in two recent decades. *Veterinary Journal (Pajouhesh & Sazandegi).* 2016; 110: 17-31.
- Nagy A, Mettenleiter T, Abdelwhab E. A brief summary of the epidemiology and genetic relatedness of avian influenza H9N2 virus in birds and mammals in the Middle East and North Africa. *Epidemiology & Infection.* 2017; 145: 3320-33.
- Wang M, Fu C-X, Zheng B-J. Antibodies against H⁹ and H⁷ avian influenza among poultry workers in China. *New England Journal of Medicine.* 2009; 360: 2583-4.
- Gao R, Bai T, Li X, Xiong Y, Huang Y, Pan M, et al. The comparison of pathology in ferrets infected by H⁹N² avian influenza viruses with different genomic features. 2016; 488: 149-55.
- Gao R, Cao B, Hu Y, Feng Z, Wang D, Hu W, et al. Human infection with a novel avian-origin influenza A (H7N9) virus. *New England Journal of Medicine.* 2013; 368: 1888-97.
- shahsavandi s. Filogenetic Analyses of H9N2 Avian Influenza Virus. *Journal of Shahid Sadoughi University of Medical Science.* 1393; 23: 727-35.
- Dohoo IR, Martin W, Stryhn HE. *Veterinary epidemiologic research:* AVC Inc., Canada; 2003.
- Fereidouni SR, Werner O, Starick E, Beer M, Harder TC, Aghakhan M, et al. Avian influenza virus monitoring in wintering waterbirds in Iran, 2003-2007. *Virology journal.* 2010; 7:1.
- European Commission. Diagnostic manual for avian influenza as provided for in Council Directive 2005/94/EC. *Official Journal of the European Union.* 2006; 2006/437/EC.
- Tavakol M, Dennick R. Making sense of Cronbach's alpha. *International journal of medical education.* 2011; 2: 53.
- Monne I, Ormelli S, Salviato A, De Battisti C, Bettini F, Salomoni A, et al. Development and validation of a one-step real-time PCR assay for simultaneous detection of subtype H5, H7, and H9 avian influenza viruses. *Journal of clinical microbiology.* 2008; 46: 1769-73.
- Zhang A, Lai H, Xu J, Huang W, Liu Y, Zhao D, et al. Evaluation of the Protective Efficacy of Poly I: C as an Adjuvant for H⁹N² Subtype Avian Influenza Inactivated Vaccine and Its Mechanism of Action in Ducks. *PloS one.* 2017; 12: e0170681.
- Poursafar F. Molecular surveillance of avian influenza virus in domestic ducks: a provincial study. *Journal of Veterinary Research* 2012; 67: 345-51.
- Wang Y, Li P, Wu Y, Sun X, Yu K, Yu C, et al. The risk factors for avian influenza on poultry farms: A meta-analysis. *Preventive veterinary medicine.* 2014; 117: 1-6.
- Fallah Mehrabadi MH, Bahonar A, Marandi MV, Sadzadeh A, Tehrani F, Salman M. Sero-survey of Avian Influenza in

- backyard poultry and wild bird species in Iran-2014. Preventive Veterinary Medicine. 2016.
17. Si Y, Wang T, Skidmore AK, de Boer WF, Li L, Prins HH. Environmental factors influencing the spread of the highly pathogenic avian influenza H5N1 virus in wild birds in Europe. *Ecol Soc.* 2010; 15: 26.
 18. Fallah Mehrabadi MH. Avian Influenza virus (H9N2) risk factors investigation and Spatial Analyses in domestic and Industrial Poultry of Iran. Tehran University 1393.
 19. Vasfi Marandi M, Bozorgmehri Fard MH. Isolation of H9N2 subtype of avian influenza viruses during an outbreak in chickens in Iran. *Iranian Biomedical Journal.* 2002; 6: 7-13.
 20. Joannis T, Meseko C, Oladokun A, Ularamu H, Egbuji A, Solomon P, et al. Serologic and virologic surveillance of avian influenza in Nigeria, 2006-7. *Eurosurveillance.* 2018; 13: 19007.
 21. McQuiston JH, Garber LP, Porter-Spalding BA, Hahn JW, Pierson FW, Wainwright SH, et al. Evaluation of risk factors for the spread of low pathogenicity H7N2 avian influenza virus among commercial poultry farms. *Journal of the American Veterinary Medical Association.* 2005; 226: 767-72.

Evaluation of H9N2 Infection Determinants in Qazvin Broiler Farms During 2016-17: A Cohort Study

Mirzaie K¹, Shushtari AH², Bokaie S³, Fallah Mehrabadi MH², Peighambari SM⁴

1- PhD in Epidemiology, Department of Health and Management of Poultry Diseases, Iranian Veterinary Organization, Tehran, Iran

2- Assistant Professor, Department of Poultry Diseases, Razi Vaccine and Serum Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

3- Professor, Department of Food Hygiene & Quality Control, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, Iran

4- Professor, Department of Avian Diseases, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, Tehran, Iran

Corresponding author: Bokaie S, sbokaie@ut.ac.ir

(Received 12 December 2019; Accepted 23 May 2020)

Background and Objectives: Avian influenza (AI) is one of the most important respiratory diseases in the poultry industry that causes huge economic impacts and plays an important role in public health. H9N2 Avian Influenza Virus (H9N2 AIV) has a broad circulation and causes endemic infections in the poultry industry of the country.

Methods: A cohort study was conducted from July 2016 to November 2017 in broiler chicken farms of Qazvin Province, Iran to detect H9N2 AIV infection determinants in broiler chicken farms.

Results: Sixteen out of 34 units that were included in the study had positive PCR results. Some variables such as "type of fence around the unit", "biosecurity", "cooling system status", "mean maternal antibody titers", "location height", "proximity to public traffic lanes" and "number of units within a radius of 1 km" had significant effects on the infection occurrence in poultry units according to univariate statistical analyses ($P < 0.05$). However, only two of them ("biosecurity" and "cooling system status") were statistically significant in multi-variable analyses ($P < 0.05$).

Conclusion: Biosecurity measures should be implemented more seriously and strictly in broiler farms to reduce the impact of H9N2 AIV infection.

Keywords: Influenza infection determinants, H9N2 subtype, Polymerase chain reaction (PCR), Broiler farms, Qazvin