ORIGINAL ARTICLE

Morphological and Molecular Study of Blood Parasites in Camels in South Khorasan Province, 2020

Razieh Rahimi[1],
Seyed Abolghasem Siyadatpanah[2],
Shirzad Gholami[3],
Seyed Abdollah Hosseini[4],
Ahmad Daryani[3],
Seyyed Ali Shariatzadeh[1],
Sabah Mayahi[5],
Shahabeddin Sarvi[6]

[1] MSc in Parasitology, Student Research Committee, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[2]Assistant Professor, Ferdows School of Paramedical and Health, Birjand University of Medical Sciences, Birjand, Iran
[3] Professor, Toxoplasmosis Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[4]Assistant Professor, Department of Parasitology, Faculty of Medicine, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[5] PhD in Molecular Medicine, Department of Medical Mycology, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran
[6] Associate Professor, Toxoplasmosis Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran

(Received March 7, 2021 ; Accepted October 9, 2021)

Abstract

Background and purpose: Camel breeding is common in East of Iran due to its semi-arid climate and desert conditions. It transmits some diseases to other ruminants and humans due to carrying common blood parasites between humans and animals. This work aimed at studying the presence of *Trypanosoma* and Piroplasmida (*Babesia* and *Theileria*) species in camels in South Khorasan province using parasitological and molecular methods.

Materials and methods: In this study, blood samples were taken from 200 camels in South Khorasan that were randomly selected in 2020. Then, thick and thin smear were prepared from the samples and stained with Giemsa staining technique and examined under a light microscope. For molecular detection of *Trypanosoma*, *Theileria* and *Babesia*, specific primers of each genus were used.

Results: Microscopic examination showed that out of 200 blood samples, 8 samples (4%) were infected with *Trypanosoma* and no samples were infected with *Theileria* and *Babesia*. According to molecular experiments, six samples (3%) had DNA of *Trypanosoma evansi* and five samples (2.5%) were found with *Trypanosoma brucei* DNA. But the DNA of *Theileria* and *Babesia* were not observed. Phylogenetic analysis showed that the sample isolated in the present study had a high genetic affinity with genotype A of *Trypanosoma evansi*.

Conclusion: To the best of our knowledge, this was the first study to investigate the prevalence of Surra in South Khorasan province. The presence of *Trypanosoma* in the blood of camels in this region signifies the need for a careful monitoring system and evaluation studies as a prerequisite for controlling blood parasitic diseases in camels in South Khorasan.

Keywords: blood parasites, camels, South Khorasan, morphology and molecular methods

J Mazandaran Univ Med Sci 2021; 31 (202): 106-115 (Persian).

*** Corresponding Author: Shahabeddin Sarvi** - Toxoplasmosis Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran (E-mail: shahabesarvi@yahoo.com)

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

پژوهشی

مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران
دوره سی و یکم شماره 202 آبان سال 1400 (115-106)

بررسی مرفولوژی و مولکولی انگل‌های خونی در شترهای استان خراسان جنوبی در سال 1399

راضیه رحیمی[1]
سید ابوالقاسم سیادت پناه[2]
شیرزاد غلامی[3]
سید عبداله حسینی[4]
احمد دریانی[3]
سید علی شریعت زاده[1]
صباح میاهی[5]
شهاب الدین سروی[6]

چکیده

سابقه و هدف: پرورش شتر در شرق ایران با توجه به داشتن اقلیم نیمه خشک و شرایط بیابانی آن رایج می‌باشد. این حیوان حامل انگل‌های مشترک خونی بین انسان و دام بوده و در انتقال برخی از بیماری‌های مشترک به انسان نقش دارد. این مطالعه با هدف بررسی وجود انگل‌های خونی تریپانوزوما و پیروپلاسمیدا (تیلریا و بابزیا) در شترهای استان خراسان جنوبی با روش‌های انگل شناسی و مولکولی، انجام پذیرفت.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه توصیفی - مقطعی، از 200 نفر شتر در منطقه خراسان جنوبی که به‌صورت اتفاقی انتخاب شده بودند، نمونه خون تهیه شد. از نمونه‌ها گسترش ضخیم و نازک تهیه و رنگ‌آمیزی گردید و سپس در زیر میکروسکوپ نوری بررسی شدند. برای تشخیص مولکولی تریپانوزوما، تیلریا و بابزیا در روش مولکولی از پرایمرهای اختصاصی هر جنس برای تمام نمونه‌ها استفاده گردید.

یافته‌ها: نتایج آزمایش میکروسکوپی نشان داد که 8 نمونه (4 درصد) شترها آلوده به انگل تریپانوزوما بودند و هیچ نمونه‌ای آلوده به تیلریا و بابزیا مشاهده نگردید. در بررسی مولکولی 6 نمونه (3 درصد) حاوی DNA انگل *تریپانوزوم اوانسی* و 5 نمونه (2/5 درصد) تریپانوزوم بروسه‌ای بودند و DNA تیلریا و بابزیا مشاهده نشد. آنالیز فیلوژنی نشان داد که ایزوله‌های جدا شده در این مطالعه با ژنوتایپ A *تریپانوزوما اوانسی* مقاربت ژنتیکی زیادی دارد.

استنتاج: مطالعه حاضر اولین مطالعه جهت بررسی انگل‌های خونی ژنوتوز در شترهای استان خراسان جنوبی بوده که شیوع 5/5 درصد تریپانوزوم‌ها، لزوم نیاز به یک سیستم نظارت دقیق و مطالعات ارزیابی به عنوان پیش نیاز اقدامات کنترلی بیماری‌های انگلی خونی مشترک بین انسان و دام در استان خراسان جنوبی تأکید دارد.

واژه های کلیدی: انگل های خونی، شتر، خراسان جنوبی، مرفولوژی و مولکولی

مقدمه

شتر حیوانی است که از زمان‌های قدیم به دلایل مختلفی از جمله حمل و نقل، تولید شیر، پشم و گوشت از آن بهروری می‌شده است. شتر با توجه بهدارا بودن ویژگی‌های خاص از جمله تحمل کم آبی و مقاومت

مولف مسئول: شهاب الدین سروی - ساری: کیلومتر 17 جاده فرح آباد، مجتمع دانشگاهی پیامبر اعظم، مرکز تحقیقات توکسوپلاسموز E-mail: shahabesarvi@yahoo.com
1. کارشناسی ارشد انگل شناسی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
2. استادیار، دانشکده پیراپزشکی و بهداشت فردوس، دانشگاه علوم پزشکی بیرجند، بیرجند، ایران
3. استاد، مرکز تحقیقات توکسوپلاسموز، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
4. استادیار، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
5. دکتری تخصصی پزشکی مولکولی، گروه آموزشی قارچ شناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
6. دانشیار، مرکز تحقیقات توکسوپلاسموز، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران
تاریخ دریافت : 1399/12/17 تاریخ ارجاع جهت اصلاحات : 1400/5/3 تاریخ تصویب : 1400/7/18

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

در برابر گرمای هوا، حیوانی است که در مناطق گرم و خشک، بسیار با ارزش است(1). این حیوان می‌تواند به انواع انگل‌هایی که عامل بیمارهای خونی و گوارشی هستند آلوده گردد که سبب آسیب به این حیوان و کاهش مقاومت آن در برابر شرایط سخت، کاهش تولیدات آن‌ها و حتی کم‌خونی و مرگ می‌شوند. در میان انگل‌هایی که شتر ممکن است به آن‌ها آلوده گردد، *تریپانوزوما اوانسی* یکی از مهم‌ترین و جدی‌ترین آن‌ها محسوب می‌شود(1). این انگل اولین بار در سال 1880 میلادی توسط اوانس و همکارن در شترها و اسب‌های هندوستان دیده شد. *تریپانوزوما اوانسی* موجب بیماری سورا (Surra) در شتر بوده و تاکنون دامنه وسیعی از این حیوانات را در مناطق گرمسیری و نیمه گرمسیری جهان را آلوده کرده است(2). مگس‌های تابانیده ناقلین اصلی این انگل می‌باشند. این انگل گسترده‌ترین نوع از تریپانوزوماهای بیماریزا در جهان بوده و برای اولین بار در ایران، در شترهای یک کوهانه ایرانی، در سال 1932 میلادی شناسایی شد و در حال حاضر یکی از مهم‌ترین بیماری‌ها در گله‌های شتر می‌باشد(3). تریپانوزومیازیس در خون و مایعات بدن تکثیر پیدا می‌کند به دو شکل حاد و مزمن در شتر رخ می‌دهد، که شکل مزمن بیماری شایع‌تر است و به صورت لاغری، تب متناوب، بیرنگی مخاطات، گهگاه ادم شکمی، کاهش وزن، کاهش تولید شیر و گوشت، علائم عصبی، لاغری مفرط و نهایتاً می‌تواند باعث مرگ میزبان شود(2). میزان مرگ و میر ناشی از این بیماری بالای20 درصد و میزان تلفات ممکن است به 100 درصد هم برسد(4-2). متاسفانه آلودگی شترهای مناطق مختلف جهان از جمله ایران به این انگل باعث ایجاد خسارات زیادی در صنعت دامپروری می‌شود.

تریپانوزوما اوانسی در انسان نیز می‌تواند آلوده‌کننده باشد و موارد زیادی از ابتلای انسان به این انگل از کشورهایی مانند هند و ویتنام و کشورهای افریقایی که درآن‌ها پرورش شتر رایج است گزارش شده است(7-5). در انسان‌ها این بیماری با علائمی مانند، تب، لرز، تعریق، از دست رفتن حواس و سایر علائم درگیری سیستم اعصاب مرکزی خود را نشان می‌دهد(8). با توجه به موارد ذکر شده تشخیص آلودگی در شترها به این انگل تریپانوزوم چه از نظر اقتصادی در صنعت نگهداری و پرورش دام از نظر پزشکی هم بسیار مهم تلقی می‌شود. غیر از انواع تریپانوزوماها، آلودگی دیگری که در خون شترهای مناطق مختلف ایران باید مورد توجه قرار گیرد، پیروپلاسمیدا شامل تیلریا و بابزیا است. این انگل‌ها بیماری و عوارض سختی را در حیوان ایجاد می‌کنند که از جمله می‌توان به، تب، آنمی و ادم اشاره کرد. لازم به ذکر است در موارد شدیدتر تیلریا و بابزیا حتی منجر به مرگ حیوان می‌شود. میزبان مهره دار اغلب نشخوارکنندگان بوده و با توجه به حضور ناقل آندر جغرافیای خشک و نیمه خشک ایران و وجود میزبانان مناسب از جمله شتر در این مناطق آلودگی به آن دیده شده است(9).

این انگل‌های خونی هم از جنبه دامپزشکی به خاطر خسارات فراوانی که به صنعت دامپروری وارد می‌کنند حائز اهیمت بوده و هم از نظر پزشکی، زیرا در مواردی آلودگی با آن‌ها در انسان گزارش شده و جزو انگل‌های مشترک بین انسان و دام(زئونوز) محسوب می‌شوند(10). با توجه به مطالب ذکر شده، همچنین اهمیت اقتصادی و دامپزشکی آلودگی به تریپانوزوما و پیروپلاسما و از آن‌جا که تاکنون مطالعات مرفولوژی و مولکولی بسیار اندکی در ایران صورت گرفته است و در نظر گرفتن این نکته که در استان خراسان جنوبی مطالعه‌ای در این زمینه صورت نپذیرفته است، مطالعه حاضر به منظور بررسی وجود انگل‌های خونی در شترهای استان خراسان جنوبی با روش‌های انگل‌شناسی و مولکولی انجام گرفت.

مواد و روش ها

محل نمونه گیری

استان خراسان جنوبی، در جنوب شرق ایران واقع شده و مساحتی بالغ بر 151 هزار کیلومتر مربع دارد و حدود 85 درصد از مساحت این استان را عرصه‌های

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

بیابانی تشکیل می‌دهد. میانگین بارندگی سالانه استان خراسان جنوبی، 134 میلی‌متر و میانگین دمای سالانه، 17/5 درجه سلسیوس است و به‌طور کلی دارای آب و هوایی گرم و خشک می‌باشد. این استان از سمت شرق هم مرز با کشور افغانستان بوده و از جنوب به استان سیستان و بلوچستان ارتباط دارد. به دلیل ویژگی‌های آب و هوایی و شرایط محیطی خاص این منطقه، مکان مناسبی برای پرورش و نگهداری شتر به عنوان حیوان بومی آن منطقه و همچنین وارداتی از کشور همسایه می‌باشد(11).

جمع آوری نمونه ها و آزمایش میکروسکوپی

در این مطالعه توصیفی– مقطعی، 200 نفر از شترهای استان خراسان جنوبی در فاصله زمانی فروردین تا آبان ماه سال 1399 به صورت اتفاقی انتخاب شدند و پس از پر کردن فرم پرسشنامه از صاحبان شترها، که حاوی سوالاتی در خصوص سن، جنس، محل نگهداری شتر بوده، از ورید جاگولار آن ها در حدود 10 میلی لیتر خون گرفته شد و تا زمان شروع آزمایش در 20- درجه نگهداری شد. سپس از نمونه‌ها گسترش ضخیم و نازک تهیه، با تکنیک رنگ‌آمیزی گیمسا رنگ شد و در زیر میکروسکوپ نوری بررسی شدند.

جداسازی DNA و روش PCR

استخراج DNA با استفاده از کیت استخراج DNA (Asia DENA ZIST) و طبق دستورالعمل کیت انجام شد. سپس ODDNA استخراج شده توسط دستگاه نانو دراپدر طول موج 280-260 اندازه‌گیری و DNA تا هنگام استفاده در 20- درجه سانتی گراد نگهداری شد. عملیات PCR با استفاده از پرایمرهای خاص هر گونه که جزییات آن در جدول شماره 1 نشان داده شده است، انجام شد. در روش مولکولی حجم کل نمونه‌ها 25میکرو لیتر بوده است که متشکل از 12/5 میکرولیتر Mastermix، 1 میکرولیتر از هر پرایمر، 3 میکرولیتر از DNA استخراج شده و 7/5 میکرولیتر آب مقطر استریل در یک میکروتیوپ 0/2 استریل قرار داده و نهایتا این میکروتیوپ در دستگاه ترموسایکلر Bio-rad با برنامه به شرح زیر قرار گرفت. برنامه شامل یک چرخه 94 °c به مدت 5 دقیقه (واسرشت اولیه) به دنبال آن 30-40 سیکل 94 °c به مدت 1 دقیقه (واسرشت)، دمای اتصال به مدت 1 دقیقه 57 °c برای *تریپانوزوما اوانسی* و *بابزیا بوویس* و *بابزیا بایجنوما* و 52 °c به مدت یک دقیقه برای *تریپانوزوما بروسه ای* و تیلریا و مرحله طویل سازی به مدت 1 دقیقه 72 °c برای همه انگل ها بود. مرحله طویل سازی نهایی یک سیکل 72 °c به مدت 7 دقیقه در نظر گرفته شد. در نهایت لکتروفورز با استفاده از ژل اگارز 1/5 درصد برای ارزیابی مشاهده باندهای نشان دهنده محصولات PCR انجام شد.

جدول شماره 1: پرایمر های اختصاصی *تریپانوزوما اوانسی*، *تریپانوزوما بروسه ای*، *بابزیا بوویس*، *بابزیا بایجمینا* و جنس تیلریا

(Bp)	Nucleotidesequences ofprimers	Parasite
257	TR3: 5'-GCGCGGATTCTTTGCAGACGA-3' and TR4: 5'-TGCAGACACTGGAATGTTACT-3'	*Trypanosomabrucei*
675	Bg3:TAGTTGTATTTCAGCCTC GCG and Bg4:AACATCCAAGCAGCTAHTTAG,	*Babesia bigemina*
453	Bb1: TTTGGTATTTGTCTTGGTCAT and Bb2:ACCACTGTAGTCAAACTCACC	*Babesia bovis*
1100	TheiF:5'-AGTTTCTGACCT ATCAG–3' and TheiR: 5'-TTG CCTTAAACTTCCTTG–3',	*Theileria sp.*
475	TBR1.2F: 5'-CCGGAAGTTCACCGATATTG-3' and TBR1.2R: 5'-TTGCTGCGTTCTTCAACGAA-3'	*Trypanosomaevansi*

یافته ها

آزمایش میکروسکوپی

از مجموع 200 نمونه خون اخذ شده، 118 نمونه از شترهای ماده و 82 نمونه از شترهای نر اخذ گردید. در بررسی‌های میکروسکوپی پس از تهیه گسترش ضخیم و نازک از نمونه‌ها و رنگ‌آمیزی به روش گیمسا و بررسی با میکروسکوپ نوری تعداد 8 نمونه (4 درصد) از نظر حضور انگل تریپانوزوما مثبت بودند. در حالی که هیچ نمونه آلوده به تیلریا و بابزیا مشاهده نگردید (جدول شماره 2).

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

جدول شماره 2: آلودگی به انگل تریپانوزوم ها در شتر های استان خراسان جنوبی بر اساس جنسیت

جنسیت	تعداد نمونه	مثبت مرفولوژی تعداد (درصد)	مثبت مولکولی تعداد (درصد)
ماده	118	6 (5/08)	8 (6/78)
نر	82	2 (2/44)	3 (3/65)
جمع	200	8 (4)	11 (5/5)

نتایج آزمایش مولکولی

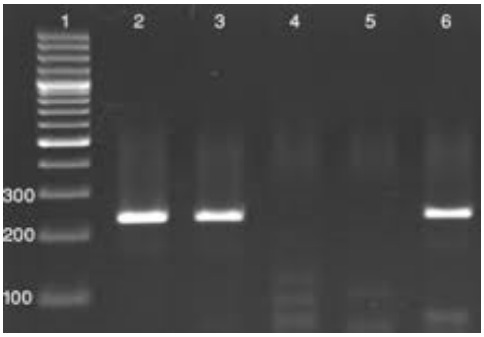
نتایج مولکولی نشان داد که 6 نمونه (3 درصد) دارای باندی در محدوده 475 جفت بازی و معرف حضور DNA انگل *تریپانوزوما اوانسی* بود. همچنین تعداد 5 نمونه (2/5 درصد) باند محدوده 257جفت بازی نشان داده‌اند که بیانگر آلودگی به DNA انگل *تریپانوزوم بروسه‌ای* بوده است. در این مطالعه پس از انجام مراحل PCR باندی که بیانگر حضور انگل بابزیا و تیلریا در این نمونه‌ها باشد دیده نشد (تصاویر شماره 1 و 2).

آنالیز فیلوژنی

ترسیم درخت با استفاده از روش Maximum Liklihood با bootstrap 1000 در برنامه MEGA نسخه 8 انجام شد. در این مطالعه، یک نمونه مثبت *تریپانوزوما اوانسی* با شماره دسترسی MW425871 که در بانک جهانی ژن ثبت شد، برای تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک مورد استفاده قرار گرفت. نتایج تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک نشان داد که *تریپانوزوما اوانسی* ایزوله جدا شده در مطالعه حاضر در دسته اول (Clade 1) قرار گرفت و قرابت ژنتیکی با *تریپانوزوما اوانسی* ژنوتایپ C داشت (تصویر شماره 3).

بحث

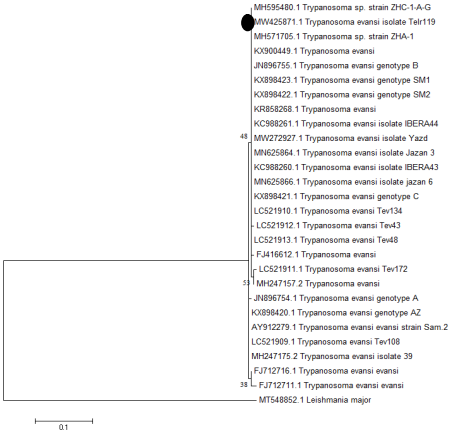
ایران کشوری با شرایط اقلیمی متنوع است که بخش‌های وسیعی از آن تحت تاثیر شرایط آب و هوایی گرم و خشک می‌باشد، در نتیجه با توجه به جمعیت ساکن در این مناطق و نیاز به سازگاری با چنین شرایط جوی، شتر به عنوان حیوانی که سازگاری بسیار خوبی جهت زندگی در چنین شرایطی را داراست، در کشور حائز اهمیت است.



تصویر شماره 1: تصویر ژل الکتروفورز مربوط به *تریپانوزوم بروسه ای* شماره 1 مارکر، شماره 2 کنترل مثبت، شماره 3 و6 نمونه مثبت، شماره 4 و 5 نمونه منفی



تصویر شماره 2: تصویر ژل الکتروفورز مربوط به *تریپانوزوما اوانسی*:P کنترل مثبت، N: کنترل منفی، شماره 3: نمونه مثبت، شماره های 1 و 2: نمونه منفی و M: مارکر



تصویر شماره 3: درخت فیلوژنتیکی توالی‌های نوکلئوتیدی ژن 18S rRNA ایزوله *تریپانوزوما اوانسی* مطالعه حاضر همراه 26 ایزوله *تریپانوزوما اوانسی* ثبت شده در بانک ژنی

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

با توجه به اهمیت این حیوان در انتقال برخی از بیماری‌ها به سایر نشخوارکنندگان و انسان، بررسی راجع به بیماری‌های مشترک آن اهمیت می‌یابد(12). شترها در معرض انگل‌های مختلف خارجی و داخلی قرار می‌گیرند که خسارات اقتصادی قابل توجهی به بار می‌آورد و برخی از آن‌ها دارای اهمیت مشترک بین انسان و دام است، از جمله آن‌ها *تریپانوزوما اوانسی* می‌باشد. این انگل می‌تواند طیف وسیعی از پستانداران اهلی و وحشی را آلوده کند و در میزبانان متنوع خونگرم از جمله انسان دیده می‌شود(13). براساس مطالعه‌ای مروری که توسط Aregawi و همکارن در سال 2019 انجام شد، *تریپانوزوما اوانسی* به‌طور طبیعی در 48 کشور جهان گزارش شده است، که از این تعداد 20 کشور در آسیا، 17 کشور در افریقا، 7 کشور در آمریکای جنوبی و 4 کشور در قاره اروپا قرار داشتند(14).

نتایج حاصل از این مطالعه بر روی خون گرفته شده از 200 نفر شتر بیانگر آلودگی3 درصد این شترها به *تریپانوزوما اوانسی* و 2/5 درصد آن‌ها به انگل *تریپانوزوما بروسه‌ای* می‌باشد. مطالعات مشابه انجام شده در سایر مناطق ایران نیز همچون سایر نقاط جهان آمارهای متفاوتی را بیان می‌کنند. مقایسه نتایج نشان می‌دهد که شیوع *تریپانوزوما اوانسی* در مطالعه حاضر تقریبا مشابه با مطالعات انجام شده در مناطقی مانند مشهد (5/2 درصد)، نجف آباد اصفهان (1/07 درصد)و کرمان و استان سیستان و بلوچستان (0/5 درصد) می‌باشد(17-15). اما در برخی موارد شیوع بالاتری از تریپانوزوما هم از ایران گزارش شده است، به‌طوری‌که شیوع انگل در زابل توسط رنجبر و همکاران 19/47 درصد و زاکین و همکاران نیز شیوع 19 درصد آن را از جنوب شرق ایران گزارش نمودند(19،18). میزان شیوع این انگل در سایر مناطق جهان بسیار متنوع است به طوری که از آلودگی 1 درصدی شترها در اسپانیا تا شیوع 56 درصدی در شترهای سودان گزارش شده است(21،20).

در مورد *تریپانوزوما بروسه‌ای* مطالعات بسیار محدودی در شتر سراسر جهان انجام شده است. El-Naga و همکاران در سال 2016 در کشور مصر مطالعه ای بر روی 331 شتر انجام داده‌اند، پس از بررسی‌های میکروسکوپی و مولکولی در 28 نمونه (12/61 درصد) آلودگی به *تریپانوزوما بروسه ای* را گزارش کردند(22). در مطالعه ای که توسط Diri و همکاران در سال 1989 در کشور سومالی انجام شد در حدود 0/03 نمونه‌های خون شتر آلودگی به *تریپانوزوما بروسه‌ای* را نشان داده‌اند(23). در مطالعه حاضر نیز 2/5 درصد نمونه‌های خون شتر آلوده به *تریپانوزوما بروسه‌ای* بودند. اگرچه به‌طور دقیق نمی‌توان به دلایل تفاوت در میزان شیوع انواع تریپانوزوماها در شترهای سراسر جهان اشاره کرد، چرا که در هیچ‌یک از این مطالعات هدف بررسی چرایی و چگونگی آلودگی شترها به این انگل‌ها نبوده است(24). از جمله عواملی که در این مطالعات باعث این تفاوت شده است و می‌توان به آن توجه نمود محل زندگی حیوان، شرایط آب و هوایی مناطق، نحوه نمونه‌گیری، جغرافیای مورد بررسی و حتی تغذیه آن‌ها می‌باشد. به‌طور مثال در مطالعات انجام شده مشخص گردید که شترهای مورد بررسی که در اقلیم و شرایط متفاوتی رشد و پرورش یافته اند در دسترسی و یا عدم دسترسی ناقلین انگل تریپانوزوما به این حیوان همچنین جنسیت و حتی نوع تغذیه شتر نیز می‌تواند تاثیر بسزایی در شیوع متفاوت این انگل در شتر داشته باشد(25).

در مطالعه حاضر، هم در روش میکروسکوپی و هم در بررسی مولکولی هیچ موردی از آلودگی به بابزیا و تیلریا مشاهده نشد. این یافته در مطالعه حاضر تا حدودی با مطالعه ملکشاهی و همکاران همخوانی دارد. این محققین در مطالعه‌ای که در سال 1387 بر روی 150 نفر از شترهای کشتار شده شهرستان مشهد به منظور بررسی شیوع انگل‌های خونی در این حیوان انجام داده‌اند، در هیچ‌یک از نمونه‌ها بابزیا مشاهده نکردند و تنها یک مورد انگل تیلریا را در نمونه خون شتر گزارش کردند(15). اما یافته‌ها در مطالعه حاضر با مطالعه رنجبر و

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

همکاران مغایرت دارد. در مطالعه‌ای که این محققین در سال 1387 به منظور بررسی شیوع انگل‌های خونی در شترهای شهرستان زابل با استفاده از روش میکروسکوپی و مولکولی انجام داده‌اند، پس از بررسی نمونه‌های خون جمع‌آوری شده، از میان 72 نمونه، آلودگی به گونه‌های تیلریا در 6/2 درصد و آلودگی به انواع گونه‌های بابزیا 3/45 درصد نشان داده شد(18). از جمله دلایل احتمالی عدم گزارش موارد مثبت پیروپلاسمیدا در مطالعه حاضر می‌توان به عدم دسترسی کافی ناقلین این دو انگل به شترها، شرایط بهداشتی مساعد محل نگهداری شترها، درمان دوره‌ای این حیوانات و مشکلاتی در روند تشخیص این انگل‌ها اشاره کرد. جهت تشخیص انگل‌های خونی به خصوص تریپانوزوم‌ها در شترها در مناطق مختلف جهان عمدتا از 3 روش استفاده می‌گردد که شامل روش رایج انگل‌شناسی که همان بررسی میکروسکوپی است، روش سرولوژی و جستجوی آنتی‌بادی ضد تریپانوزوم‌ها در سرم و بالاخره روش مولکولی که از تکنیک‌های متنوع مولکولی جهت تشخیص تریپانوزوم مورد استفاده قرار گرفته است. از بین این روش‌ها، تشخیص مولکولی به دلیل حساسیت و ویژگی بسیار بالایی که دارند، قابلیت تشخیص دقیق موارد بدون علامت و خفیف آلودگی را داشته و می‌تواند در کنترل مخازن آلودگی و جلوگیری از انتشار آن به سایر گله‌ها موثر باشد.

ژن *ITS* (Internal Transcribed Spacer) ناحیه‌ای مناسب برای تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک، ارزیابی روند تکاملی و همچنین تعیین تاکسونومی استفاده می‌شود. ناحیه *ITS* شامل دو ناحیه کوچک‌تر ITS-1 و ITS-2 می‌باشد(26). که بین نواحی تکراری هسته از جمله ژن‌های 18S rRNA، 5.8S و 28s قرار دارد. این ناحیه ژنی حدود 100 تا 200 کپی در ژنوم دارد. از این توالی‌ها می‌توان برای شناسایی تنوع بین گونه‌ای و حتی تنوع درون گونه ای در انگل‌ها و سایر پاتوژن‌ها استفاده کرد. اغلب داده‌های منتشر شده نشان می‌دهد که برای انجام مقایسه‌های بین گونه‌ای در انگل‌های تریپانوزوماتیده، ناحیه ITS-2 متغیرتر از نواحی ITS-1 و 5.8S می‌باشد. پیش از این، Khuchareontaworn و همکاران (2007) پیشنهاد کردند که ناحیه ژنی ITS-2 برای مشخص کردن تنوع ژنتیکی در گاومیش آبی بسیار کاربردی و مفید است(27).

همچنین عامر و همکاران (2011) نشان دادند که درخت فیلوژنی ترسیم شده براساس توالی‌های نوکلوتیدی ناحیه ژنی ITS-2 می‌تواند در آشکارسازی و تعیین تنوع ژنتیکی در جمعیت شترهای مصر بسیار مثمرثمر باشد. این محققین نشان دادند که ایزوله‌های *تریپانوزوما اوانسی* جدا شده از شترهای مصر در یک شاخه با دیگر *تریپانوزوما اوانسی* جدا شده و *تریپانوزوما بروسه‌ای* قرار می‌گیرند و تنوع ژنتیکی زیادی مشاهده نشد(28).

در مطالعه حاضر با استفاده از ژن ITS-2 و توالی ثبت شده *تریپانوزوما اوانسی* جدا شده با کد TeIr119 و شماره دسترسی (MW425871) به همراه 26 توالی ثبت شده مشابه در بانک جهانی ژن برای ترسیم درخت فیلوژنی استفاده شد. نتایج تعیین توالی و بلاست کردن، شباهت زیادی (100 درصد =Identify & Query Cover) با *تریپانوزوما اوانسی* جدا شده از شتر در زابل (KX900449)، شتر در عراق (MH571705)، شتر در شیراز (KX898421) را نشان داد. نتایج تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک نشان داد که *تریپانوزوما اوانسی* از میزبان‌های مختلف و منطقه جغرافیایی از نظر ژنتیکی متنوع است و می‌توان آن‌ها را به دو دسته اصلی طبقه‌بندی کرد (تصویر شماره 1) که ایزوله جدا شده در مطالعه حاضر در دسته اول (Clade 1) قرار گرفت. پورجعفر و همکاران طی ترسیم درخت فیلوژنی با استفاده از ژن ITS-2 در *تریپانوزوما اوانسی* جدا شده از شتر نشان دادند که تنوع ژنتیکی در بین ایزوله‌های جدا شده از شترهای ایران وجود دارد(29). به‌طورکلی باید در نظر داشت که تعداد قابل توجهی شتر به‌طور منظم از کشورهای همسایه مختلف وارد ایران می‌شوند، که ممکن است بر روی ناهمگنی و پویایی جمعیت‌های *تریپانوزوما اوانسی* در

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

ایران تاثیر مستقیم بگذارد. به نظر می‌رسد ظرفیت سریع و زیاد سازگاری این انگل با میزبانان و محیط‌های مختلف می تواند مربوط به تنوع ژنتیکی بالای آن در سراسر جهان باشد(30).

ساراتفان و همکاران (2007)، چهار ژنوتیپ خاص از *تریپانوزووما اوانسی* در شش میزبان مختلف (فیل، اسب، بوفالو، گاو، خوک و گوزن) براساس تکنیک PCR-RFLP از ژن انتقال دهنده گلوکز واقع شده در کروموزوم 10 این انگل گزارش کردند. با این حال، داده‌ها برای نشان دادن تنوع ژنتیکی این انگل در هر میزبان به طور جداگانه کافی نبودند(31).

در مطالعه حاضر نتیجه آنالیز فیلوژنی نشان داد که *تریپانوزوما اوانسی* جدا شده از خراسان جنوبی شباهت 100 درصد با ژنوتایپ A *تریپانوزوم اوانسی* ثبت شده در بانک جهانی ژن دارای قرابت بسیار زیادی می‌باشد.

مطالعه حاضر، اولین مطالعه در زمینه بررسی میکروسکوپی و مولکولی عامل بیماری سورا در استان خراسان جنوبی می‌باشد. نتایج این مطالعه حاکی از شیوع نسبتا قابل توجهی از *تریپانوزوما اوانسی* در شترهای منطقه شرق ایران است. بنابراین نتایج این مطالعه بر لزوم نیاز به یک سیستم نظارت دقیق و مطالعات ارزیابی به عنوان پیش‌نیاز اقدامات کنترل بیماری‌های انگلی خونی در شترهای خراسان جنوبی تأکید دارد. همچنین تحقیقات بیش‌تر با تمرکز بر ناقلین انگل *تریپانوزوما اوانسی* و *بروسه‌ای* و ارزیابی عوامل خطر آن مورد نیاز است.

References

1. Al-Rawashdeh OF, Sharif LA, Al-Qudah K, Al-Ani FK. Trypanosoma evansi infection in camels camels in Jordan. Revue Elev Med Vet Pays Trop 1999; 52(3/4): 233-238.
2. Desquesnes M, Holzmuller P, Lai DH, Dargantes A, Lun ZR, Jittaplapong S. Trypanosoma evansi and surra: a review and perspectives on origin, distribution, taxonomy, morphology, hosts, and pathogenic effects. BioMed Res int 2013; 2013: 194176.
3. Gutierrez C, Corbera JA, Juste MC, Doreste F, Morales I. An outbreak of abortions and high neonatal mortality associated with Trypanosoma evansi infection in dromedary camels in the Canary Islands. Vet Parasitol 2005; 130(1-2): 163-168.
4. Luckins AG. Protozoal diseases of camels. Proceedings of the First International Camel Conference, 2nd 6th. 1992: 23-27.
5. Joshi PP, Shegokar VR, Powar RM, Herder S, Katti R, Salkar HR, et al. Human trypanosomiasis caused by Trypanosoma evansi in India: the first case report. Am J Trop Med Hyg 2005; 73(3): 491-495.
6. Powar RM, Shegokar VR, Joshi PP, Dani VS, Tankhiwale NS, Truc P, et al. A rare case of human trypanosomiasis caused by Trypanosoma evansi. Indian J Med Microbiol 2006; 24(1): 72-74.
7. Van Vinh Chau N, Buu Chau L, Desquesnes M, Herder S, Phu Huong Lan N, Campbell JI, et al. A clinical and epidemiological investigation of the first reported human infection with the zoonotic parasite Trypanosoma evansi in Southeast Asia. Clin Infect Dis 2016; 62(8): 1002-1008.
8. Hoare CA. Morphological and taxonomic studies on mammalian trypanosomes. X. Revision of the Systematics. J Protozool 1964; 11(2): 200-207.
9. Steketee RW, Eckman MR, Burgess EC, Kuritsky JN, Dickerson J, Schell WL, et al. Babesiosis in Wisconsin: a new focus of disease transmission. JAMA 1985; 253(18):

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

2675-2678.

10. Chauvin A, Moreau E, Bonnet S, Plantard O, Malandrin L. Babesia and its hosts: adaptation to long-lastinginteractions as a way to achieve efficient transmission. Vet res 2009; 40(2): 37.
11. Introduction of South Khorasan Province, Provincial Government of South Khorasan Province. 2017. Available at: https://portal. sko.ir/ ge-PortalOstan/fa/37/form/Cl666/link. Accessed May 2, 2021. (Persian).
12. Anderson NE, Mubanga J, Fevre EM, Picozzi K, Eisler MC, Thomas R, et al. Characterisation of the wildlife reservoir community for human and animal trypanosomiasis in the Luangwa Valley, Zambia. PLoS Negl Trop Dis 2011; 5(6): e1211.
13. Pumhom P, Pognon D, Yangtara S, Thaprathorn N, Milocco C, Douangboupha B, et al. Molecular prevalence of Trypanosoma spp. in wild rodents of Southeast Asia: influence of human settlement habitat. Epidemiol Infect 2014; 142(6): 1221-1230.
14. Aregawi WG, Agga GE, Abdi RD, Büscher P. Systematic review and meta-analysis on the global distribution, host range, and prevalence of Trypanosoma evansi. Parasit Vectors 2019; 12(1): 67.
15. Malekshahi A, Aramon M, Sadr N, Saeidi F. Diagnosis study and evaluation of the prevalence of blood parasites in camels slaughtered in Mashhad in 2008. The first national congress of veterinary laboratory sciences. 2009.12.01.
16. Mehrabiyan S, Mahzounieh M, Rabbani Khoorasgani M, Tahmasby H, Amiri Dehcheshmeh J, Ghorbani A, et al. Molecular detection of Trypanosoma from one-humped camels slaughtered in Najafabad slaughterhouse. Biological Journal of Microorganisms 2014; 3(10): 45-50 (Persian).
17. Sazmand A, Eigner B, Mirzaei M, Hekmatimoghaddam S, Harl J, Duscher GG, et al. Molecular identification of hemoprotozoan parasites in camels (Camelus dromedarius) of Iran. Iran J Parasitol 2016 11(4): 568-573 (Persian).
18. Ranjbar Bahadori, SH, Afshari moghadam, A. Study on the prevalence of blood parasites in camels of Zabol in 2008. Veterinary Clinical Pathology The Quarterly Scientific Journal 2009; 3(2-10): 503-507. (Persian).
19. Zakian A, Nouri M, Safaei P, Mohammad-Sadegh M, Kahroba H, Mokhber Dezfouli MR, et al. An acute outbreak of natural Trypanosoma evansi infection in camel (Camelus dromedarius) herds in the southwestern Iran. Comparative Clinical Pathology 2017; 26(1): 51–59.
20. Molina JM, Ruiz A, Juste MC, Corbera JA, Amador R, Gutierrez C. Seroprevalence of Trypanosoma evansi in dromedaries (Camelus dromedarius) from the Canary Islands (Spain) using an antibody Ab-ELISA. Prev Vet Med 1999; 47(1-2):53-59.
21. Boid R, El Amin EA, Mahmoud MM, Luckins AG. Trypanosoma evansi infections and antibodies in goats, sheep and camels in the Sudan. Tropical Animal Health and Production 1981; 13(1): 141-146.
22. El-Naga TRA, Barghash S. Blood parasites in camels (Camelus dromedarius) in Northern West Coast of Egypt. J Bacteriol Parasitol 2016; 7(1): 1-7.
23. Dirie MF, Wallbanks KR, Aden AA, Bornstein S, Ibrahim M. Camel trypanosomiasis and its vectors in Somalia. Vet parasitol 1989; 32(4): 285-291.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]

24. Cockrill WR. The Camelid: An All-purpose Animal. Scandinavian Institrute of African Studies; 1984.
25. Eshetu Z, Desta B, Amare LB. Prevalence of Trypanosoma evansi infection in the one-humped camel (Camelus dromedarius) in Jijiga administrative zone of the Ethiopian Somali region. Global Veterinaria 2013; 10(2): 233-238.
26. Beltrame-Botelho IT, Gaspar-Silva D, Steindel M, Dávila AMR, Grisard EC. Internal transcribed spacers (ITS) of Trypanosoma rangeli ribosomal DNA (rDNA): a useful marker for inter-specific differentiation. Infect Genet Evol 2005; 5(1): 17-28.
27. Khuchareontaworn S, Singhaphan P, Viseshakul N, Chansiri K. Genetic diversity of Trypanosoma evansi in buffalo based on internal transcribed spacer (ITS) regions. Journal of Veterinary Medical Science 2007; 69(5): 487-493.
28. Amer S, Ryu O, Tada C, Fukuda Y, Inoue N, Nakai Y. Molecular identification and phylogenetic analysis of Trypanosoma evansi from dromedary camels(Camelus dromedarius) in Egypt, a pilot study. Acta Trop 2011; 117(1): 39-46.
29. Pourjafar M, Badiei K, Sharifiyazdi H, Chalmeh A, Naghib M, Babazadeh M, et al. Genetic characterization and phylogenetic analysis of Trypanosoma evansi in Iranian dromedary camels. Parasitol Res 2013; 112(2): 899-903.
30. Averbeck GA, Bjork KE, Packer C, Herbst L. Prevalence of hematozoans in lions (Panthera leo) and cheetah (Acinonyx jubatus) in Serengeti National Park and Ngorongoro Crater, Tanzania. J wildl Dis 1990; 26(3): 392-394.
31. Sarataphan N, Boonchit S, Siriwan C, Indrakamhaeng P. Genetic diversity of Trypanosoma evansi in Thailand based on a repeated DNA coding sequence marker. Developing Methodologies for the Use of Polymerase Chain Reaction in the Diagnosis and Monitoring of Trypanosomosis 2007; 38(41): 81-92.

[Downloaded from jmums.mazums.ac.ir on 2026-11-13]