



Semnan University



Research Article

Molecular Detection of *Rickettsia* Genus in Hard Ticks Isolated from Goat Samples in Lorestan Province

Hanieh Rashidi ¹, Nemat Shams ^{1*}, Amin Jaydari ¹, Hassan Nayebyzadeh ², Peyman Khademi ¹.

Abstract

Hard ticks are obligate and blood-sucking ectoparasites of terrestrial vertebrates that transmit some bacteria (such as *Rickettsia*, *Borrelia*, *Ehrlichia*, *Bartonella*, *Francisella*, and *Coxiella*). The present study was conducted to identify and molecularly distinguish the genus *Rickettsia* from hard ticks isolated from samples of goat in Lorestan province. In this study, a total of 262 hard ticks were classified and identified based on diagnostic keys. Then, primers for the (*gltA*) genes were used to detect *Rickettsia* by Nested-PCR method. Mega 11 software with 1000 iterations was used for phylogenetic analysis. The results showed that 2 pool samples (9.18%) (CI: 4.9%-16.54%) of the tick samples from Lorestan province were infected with *Rickettsia*. The 2 positive pool samples were related to *Haemaphysalis sulcata* ticks from Aligudarz and Selseleh (20%) (CI: -5.67%-50.98%). Blast sequencing of the positive samples in NCBI showed that the strains isolated in Lorestan province belong to the *Rickettsia hoogstraalii* species and are 99-100% similar to other strains registered in NCBI. The findings indicate that *Haemaphysalis sulcata* ticks may play an important role in the transmission of *Rickettsia* in the mentioned areas, so this issue could be a major public health concern worldwide.

Keywords: *Rickettsia* species, Nested-PCR, ticks, Lorestan.

1. Department of Microbiology and Food Hygiene, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran.

2. Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran.

*Corresponding author: shams.n@lu.ac.ir

DOI: [10.22075/jvlr.2026.40119.1199](https://doi.org/10.22075/jvlr.2026.40119.1199)

Received: 21.12.2025

Revised: 22.01.2026

Accepted: 28.01.2026

How to Cite this Article:

Rashidi, H. , Shams, N. , Jaydari, A. , Nayebyzadeh, H. and Khademi, P. (2026). Molecular Detection of *Rickettsia* Genus in Hard Ticks Isolated from Goat Samples in Lorestan Province. *Journal of Veterinary Laboratory Research*, 18(1), 55-65. doi: [10.22075/jvlr.2026.40119.1199](https://doi.org/10.22075/jvlr.2026.40119.1199)





تشخیص مولکولی جنس ریکتزیا در کنه‌های سخت جداشده از نمونه‌های بز استان لرستان

حانیه رشیدی^۱، نعمت شمس^{۱*}، امین جایدری^۱، حسن نایب زاده^۲، پیمان خادمی^۱.

خلاصه

کنه‌های سخت انگل‌های خارجی اجباری و خون‌خوار مهره‌داران خشکی‌زی می‌باشند که باعث انتقال برخی از باکتری‌ها (مانند ریکتزیا، بورلیا، اریلیشیا، بارتونلا، فرانسیسلا و کوکسیلا) می‌شوند. مطالعه حاضر برای شناسایی و تشخیص مولکولی جنس ریکتزیا از کنه‌های سخت جدا شده از نمونه‌های بز استان لرستان انجام شده است. در این مطالعه در مجموع ۲۶۲ کنه سخت بر اساس کلیدهای تشخیصی طبقه‌بندی و شناسایی شدند. سپس برای تشخیص ریکتزیا از آغازگرهای ژن‌های (*gltA*) به روش Nested-PCR استفاده شد. جهت تجزیه و تحلیل فیلوژنی از نرم‌افزار مگا ۱۱ با ۱۰۰۰ بار تکرار استفاده شد. نتایج نشان داد ۲ نمونه استخر (۹/۱۸ درصد) (۱۶/۵۴ درصد-۴/۹ درصد: CI) از نمونه‌های کنه استان لرستان آلوده به ریکتزیا بودند. ۲ نمونه مثبت استخر مربوط به کنه‌های همافیزالیس سولکاتا الیگودرز و سلسله (۲۰ درصد) (۵۰/۹۸ درصد-۵/۶۷ درصد: CI) بودند. بلاست توالی نمونه‌های مثبت در NCBI نشان داد که گونه‌های جدا شده در استان لرستان مربوط به گونه ریکتزیا هوگسترالی می‌باشند و شباهت ۹۹ تا ۱۰۰ درصدی با دیگر گونه‌های ثبت شده در NCBI می‌باشند. یافته‌ها نشان دهنده این است که کنه همافیزالیس سولکاتا می‌تواند نقش مهمی در انتقال ریکتزیا در مناطق نامبرده داشته باشد، لذا این مسئله می‌تواند نگرانی مهمی برای بهداشت عمومی در سراسر جهان باشد.

واژه‌های کلیدی: گونه‌های ریکتزیا، واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز آشیانه‌ای، کنه‌ها، لرستان.

۱. گروه میکروبیولوژی و بهداشت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، لرستان، ایران.

۲. گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، لرستان، ایران.

*نویسنده مسئول: shams.n@lu.ac.ir

DOI: [10.22075/jvlr.2026.40119.1199](https://doi.org/10.22075/jvlr.2026.40119.1199)

دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۳۰

بازنگری: ۱۴۰۴/۱۱/۰۲

پذیرش: ۱۴۰۴/۱۱/۰۸

ریکتریا یک باکتری گرم منفی از کلاس آلفا پروتئو باکتر، راسته ریکتریالز و خانواده ریکتریاسه است که کوچک، هوازی، کوکوباسیل، اغلب غیرمتحرک، دارای تقسیم دوتایی، فاقد اسپور، درون سلولی اجباری و غیر قابل کشت در محیط‌های متداول آزمایشگاهی است که در سلول‌های جوندگان کوچک و ناقلین انگلی (کنه، کک، شپش، کرم‌های ریز) قادر به رشد می‌باشد. بافت هدف ریکتریا، اندوتلیال میزبان مهره‌داران است و در سلول‌های اپیتلیال گوارشی مهره‌داران تکثیر می‌شود (Blanda et al., 2020).

ریکتریا یک باکتری ۱۵۰ میلیون ساله است که برای اولین بار، هاوارد تیلور ریکتر در سال ۱۹۰۶ نشان داد که بیماری تب خالدار کوه‌های راکی می‌تواند از طریق نیش کنه به حیوان سالم منتقل شود. سپس هاوارد تیلور ریکتر (Howard Taylor Ricketts)، میکروارگانیسم عامل بیماری یعنی ریکتریا ریکتری را در خون حیوانات آلوده، کنه و تخم‌های آن‌ها یافت (Abdoli et al., 2022). گونه‌های مختلف ریکتریا در رده‌های جانوری مختلف مانند دوزیستان، خزندگان، پرندگان و پستانداران شناسایی شده‌اند که جوندگان کوچک و خصوصا بندپایان به عنوان ناقلین اصلی برای ریکتریا عمل می‌کنند (Moreira-Soto et al., 2023).

بر اساس ویژگی‌های اپیدمیولوژیکی و سبب شناسی گونه‌های ریکتریا در چهار گروه کلی تقسیم‌بندی می‌شوند که شامل ریکتریاهای اجدادی، انتقالی، تب‌های خالدار و ریکتریاهای تیفوئی هستند. گروه تب‌های خالدار و ریکتریاهای اجدادی فقط توسط کنه‌ها منتقل می‌شوند و سایر ریکتریاهای توسط بندپایانی مثل کنه‌های سخت و نرم، کرم‌های ریز، شپش‌ها و کک‌ها نیز انتقال می‌یابند (Blanton & Walker, 2017).

بیشتر گونه‌های ریکتریا می‌توانند تنها برای مدت کوتاهی در خارج از بدن ناقل یا میزبان خود زنده بمانند. ریکتریاهای در اثر گرما، خشکی و ترکیبات شیمیایی به سرعت از بین می‌روند، همچنین مدفوع خشک شده حاوی ریکتریا، می‌تواند چندین ماه در دمای اتاق، عفونی باقی بماند (Abdoli et al., 2022; Hosseini chegeni et al., 2021). طبق مطالعات اخیر، تقریباً ۱۷ ژن مختلف در سطح باکتری ریکتریا شناسایی شده است و ompA،

ompB، gltA و rrs از مهم‌ترین ژن‌های جنس ریکتریا هستند. آنتی‌ژن‌های سطحی sc0، sc1 و sc2 در ژن ompB و gltA و نیز آنتی‌ژن sc5 در ژن ompA وجود دارد. در برخی از سویه‌های ریکتریا آنتی‌ژن‌های سطحی به عنوان عوامل متصل کننده به سلول هدف میزبان (آندوتلیوم مهره‌داران) وجود دارند که در فرآیند بیماری‌زایی مشارکت می‌کنند (Abdoli et al., 2022).

باکتری ریکتریا به عنوان یک باکتری گرم منفی با دارا بودن آنتی‌ژن‌های سطحی خود به محض ورود به سلول، غشای فاگوزومی را لیز می‌کند و به سمت سیتوپلاسم میزبان آزاد می‌شود. در سطح غشای گلبول‌های قرمز ترکیباتی از جنس کلسترول پالمیات وجود دارد که که ریکتریا به این قسمت متصل شده و از طریق دنباله‌های اکتینی پلیمریزه شده، از سلولی به سلول دیگر حرکت می‌کند (مشابه این فرآیند در باکتری‌های شیکلا و لیستریا نیز دیده شده است). آنزیم فسفولیپاز A به عنوان مهم‌ترین فاکتور بیماری‌زا در ریکتریا است و با مکانیسم آسیب به غشای سلول در فرآیندهای پاتوژن باکتری نقش اساسی دارد. این آنزیم با فعالیت همولیتیک خود سریعاً غشای سلول میزبان را تخریب می‌کند و اسید آراشیدونیک و لیزوفسفاتها را تولید می‌کند که البته با کمک سلول میزبان به فرآورده‌های فعالی مثل پروستاگلاندین و لکوترین‌ها تبدیل می‌شود (La Scola & Raoult, 1997). نخستین مرحله در عفونت‌زایی ریکتریا حمله به آندوتلیوم میزبان مهره‌دار است که پروتئین sca به عنوان یک آنتی‌ژن ریکتریایی اتوترانسپورتر عمل می‌کند که در مسیر لنفوی محل ورود باکتری به بدن منتشر می‌شود. فرار از فاگوزوم مهم‌ترین مرحله عفونت‌زایی است که بر اساس حرکت دنباله اکتینی در تمام سلول‌های مستعد عفونت به وجود می‌آید. ورود باکتری به سلول میزبان و عبور از سیستم ایمنی میزبان مخصوصاً سلول‌های غیر فاگوسیت کننده دارای دو مکانیسم zipper و Trigger است (Portillo et al., 2017).

کنه‌های سخت انگل خارجی و اجباری مهره‌داران هستند که دارای انتشار جهانی بوده و از شایع‌ترین گونه‌های بندپایان می‌باشند. کنه‌ها در انتقال پاتوژن‌های باکتریایی، ویروس‌ها، انگل‌ها و آلوده کردن گونه‌های مختلف حیوانات و انسان نقش مهمی دارند، به دلیل انتقال پاتوژن‌ها،

بیماری‌زایی و نیز آسیب‌های اقتصادی، مطالعه فون انگلی از اهمیت بالایی در پزشکی و دامپزشکی برخوردار است (Mazlum, 1971).

اثرات کنه‌ها روی میزبان شامل استرس‌های کنه‌ای، آزرده‌گی، پاسخ آلرژیکی، کم خونی، کاهش وزن و حتی مرگ میزبان می‌شود. انتقال میکروارگانیسم‌های پاتوژن، فلجی ناشی از خونخواری میزبان و صدمه زدن به لاشه و پشم به خصوص پوست و ایجاد میاز را ممکن می‌کند که حدود ۱۰ درصد از انواع گونه‌های کنه‌ها از حیوانات اهلی به ویژه گوسفند و بز تغذیه کرده که در انتقال عوامل بیماری‌زا به انسان و دام از اهمیت بهداشتی قابل توجهی برخوردارند (Service, 2008; Wall & Shearer, 2001).

شرایط جغرافیایی (تابستان‌های طولانی، میزان رطوبت هوا، بارندگی‌های غیر معمول) تعداد و فون کنه‌ای غالب منطقه مورد مطالعه در رشد و تکثیر و همچنین فرآیند بیماری‌زایی کنه‌ها حائز اهمیت است (Ng-Nguyen et al., 2020). از آنجا که جنوب ایران از لحاظ شرایط آب و هوایی به کشورهای همسایه و حوزه خلیج فارس بسیار نزدیک است و تاکنون مطالعه دقیقی در غرب ایران در مورد نوع کنه و ریکتزیاها و نیز کوکسیلا صورت نگرفته است و در سال‌های اخیر استفاده بیش از حد از سموم جهت از بین بردن بندپایان و حشرات موذی باعث از بین بردن تعادل اکوسیستم شده است، بنابراین شناسایی دقیق گونه‌های باکتریایی منتقله از طریق کنه و مبارزه دقیق و صحیح با این عوامل پاتوژن برای جلوگیری از ایجاد مقاومت در

سموم امری ضروری است (Khalili et al., 2018). با توجه به نبود اطلاعات کافی در خصوص آلودگی کنه‌های سخت به جنس و گونه‌های ریکتزیا در استان لرستان، لذا در این مطالعه بر آن شدیم میزان شیوع و آلودگی کنه‌ها را به جنس و گونه‌های باکتری ریکتزیا با روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز آشیانه‌ای و با استفاده از پرایمرهای دژنره ژن‌های *gltA* بررسی نماییم.

مواد و روش کار

جمع آوری نمونه

تعداد کلی ۲۶۲ نمونه کنه سخت به طور تصادفی از بزهای شهرستان‌های الیگودرز، الشتر، پلدختر و چگنی استان لرستان جمع‌آوری و به نمونه‌های ۱۰ تایی تقسیم شدند (جدول ۱، شکل ۱). کنه‌های سخت در سه فرم لارو، نیمف و بالغ طی سال ۱۴۰۳ در فصول گرم سال از روی بدن دام‌های بز با کمک پنس جمع‌آوری شدند و در لوله‌های استریل لیبل‌دار حاوی الکل ۷۰ درصد قرار گرفتند و به آزمایشگاه انگل‌شناسی دانشکده دامپزشکی دانشگاه لرستان انتقال داده شدند. سپس کنه‌ها با استفاده از دستگاه استریومیکروسکوپ (اولیمپوس FZ60، ژاپن) بر مبنای ویژگی‌های ظاهری و مورفولوژی مانند طول شیارهای گردنی و جانبی، هم راستا بودن یا نبودن شیلدها، داشتن یا نداشتن پارما، زاویه قاعده کاپیتوم، صفحات تنفسی متخلخل و سایر ویژگی‌ها شناسایی و بر اساس جنس و گونه منطقه جمع‌آوری و تفکیک شدند (شکل ۲) (Hosseini Chegeni et al., 2019).

جدول ۱- کنه‌های جمع‌آوری شده به تفکیک جنس، گونه، شهر و جنسیت

استان	شهر	کنه	ماده	نر	تعداد کنه
لرستان	الیگودرز و الشتر	۸۷ همافیز/الیس سولکاتا ۴۳ هیالوما آسیاتیکوم	۵۳	۳۴	۱۳۰
			۲۳	۲۰	
	پلدختر و چگنی	۷۰ هیالوما آسیاتیکوم ۶۲ همافیز/الیس سولکاتا	۴۱	۲۹	۱۳۲
			۴۸	۱۴	



شکل ۱- نقشه استان لرستان مناطق مورد مطالعه با ستاره قرمز مشخص شده است.



شکل ۲- برخی از کنه‌های سخت شناسایی شده در این مطالعه: A: همافیزالیس سولکاتا، B: هیالوما آسیاتیکوم

آماده‌سازی پرایمرها

طبق پروتکل و به منظور آماده‌سازی پرایمرها از depcwater برای رقیق کردن آن‌ها به منظور حذف مهارکننده‌های موجود در استوک غلیظ پرایمرها به صورت پودر ارسالی لیوفیلیزه استفاده شد. آب بدون نوکلئاز بدلیل نداشتن RNase و DNase یک حلال مطمئن و استریل است که در کارهای مولکولی بسیار کاربرد دارد (Parola & Raoult, 2001).

استخراج DNA

استخراج DNA و انجام مراحل PCR جهت شناسایی جنس و گونه‌های ریکتزیا در کنه‌ها انجام شد. به منظور استخراج DNA از نمونه‌های کنه، بعد از فیکس و خشک کردن کنه با ازت مایع در دمای منفی ۱۹۶ درجه سانتی‌گراد، نمونه‌ها با تیغ اسکالپل به طور کامل خرد و به میکروتیوب ۲ سی سی انتقال داده شدند و سپس برای استخراج براساس پروتکل کیت استخراج DNA (شرکت addbio، کره جنوبی) استفاده گردیدند.

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای

به منظور بهینه‌سازی، حذف ممانعت کننده‌ها، کاهش آلودگی‌ها و افزایش اختصاصیت و حساسیت از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای براساس مطالعه روبنس فابیانو و همکاران در سال ۲۰۲۳ استفاده شد. همچنین آغازگرهای استفاده براساس همین مطالعه انتخاب شدند (جدول ۲) (Prado et al., 2023). در PCR مرحله اول؛ حجم نهایی محصول ۲۵ میکرولیتر شامل (۱۲/۵ میکرولیتر مسترمیکس، آغازگرهای رفت و برگشت هر کدام ۱ میکرولیتر، آب مقطر ۵/۵ میکرولیتر و ۵ میکرولیتر DNA مشکوک) بود. برنامه دمایی در PCR مرحله اول به صورت واسرشت سازی اولیه ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۳ دقیقه، ۳۵ چرخه دمایی شامل واسرشت سازی ثانویه ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵۵ ثانیه، اتصال ۵۶ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه و طویل سازی ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۱ دقیقه

و در ادامه، مرحله نهایی ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۷ دقیقه تنظیم گردید. در مرحله Nested-PCR تمامی مواد مانند PCR معمولی اضافه شد، با این تفاوت که محصول PCR اول به منظور کاهش آلودگی به نسبت ۱ / ۱۰۰ رقیق شد و میزان ۲/۵ میکرولیتر DNA از محصول PCR اول رقیق شده استفاده شد. همچنین در تمام مراحل PCR از کنترل مثبت با شماره دسترسی (۲۲۲۰۳۳) و آب مقطر به عنوان کنترل منفی استفاده گردید. برنامه دمایی مرحله Nested-PCR در (جدول ۳) آورده شده است. واکنش PCR و Nested-PCR در دستگاه ترمال سایکلر (Biorad, America) انجام شد. همچنین به منظور انجام الکتروفورز محصولات PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصدی حاوی رنگ ژل بی خطر و ایمن (Pishgam, Iran) استفاده شد و در نهایت جهت ظاهر سازی نتایج از دستگاه ژل داک (Syngene, UK) استفاده گردید.

جدول ۲- لیست پرایمرهای *gltA* مورد استفاده در این مطالعه (Prado et al., 2023).

روش	ژن هدف	آغازگرها	توالی آغازگرها (۳-۵)	اندازه قطعه (جفت باز)
واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)	<i>gltA</i>	CS239 F	GCTCTTCTCATCCTATGGCTATTAT	۸۳۴
		CS1069 R	CAGGGTCTTCGTGCATTCTT	
		CSF1	CATCCTATGGCTATTATGCTTGC	۸۸۵
		CSR1	TATACTCTCTATGWACRTRACC	
واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای (Nested-PCR)	<i>gltA</i>	CSF2	CTTACCGCTATTAGAATGATTGC	۵۷۲
		CSR2	GAGCGAKAGCTTCAAGYTCTAT	

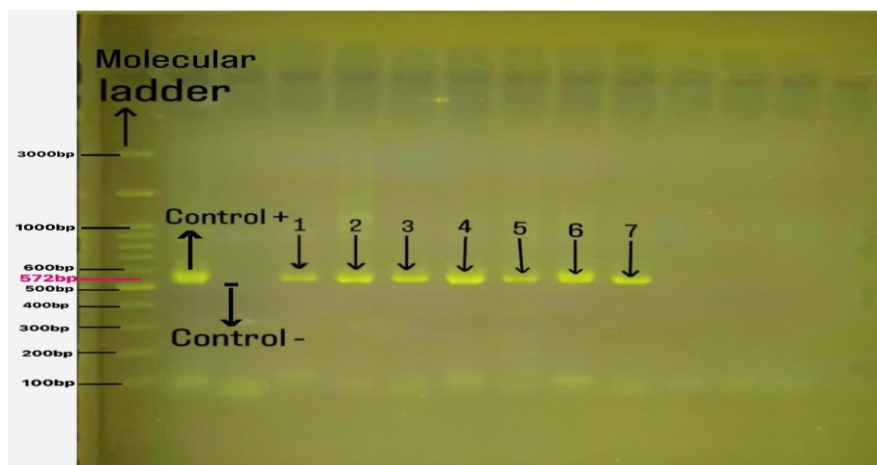
جدول ۳- برنامه و سیکل‌های دمایی Nested-PCR جهت شناسایی ژن *gltA*.

تعداد چرخه‌ها	زمان	دما (°C)	مرحله
۱	۵ دقیقه	۹۵	واسرشت سازی اولیه
۳۵	۴۵ ثانیه	۹۵	واسرشت سازی ثانویه
	۴۵ ثانیه	۵۶	چسبیدن پرایمر
	۴۵ ثانیه	۷۲	توسعه
۱	۷ دقیقه	۷۲	توسعه نهایی

هواستراتالی تعداد ۲ نمونه استخر از کنه‌های همافیرالیس
سولکاتا بزبان (۲۰ درصد) مثبت بودند (شکل ۳).

نتایج

در مجموع از ۲۶۲ نمونه کنه مورد بررسی با استفاده از روش PCR بر اساس ژن *gltA* برای باکتری ریکتریا

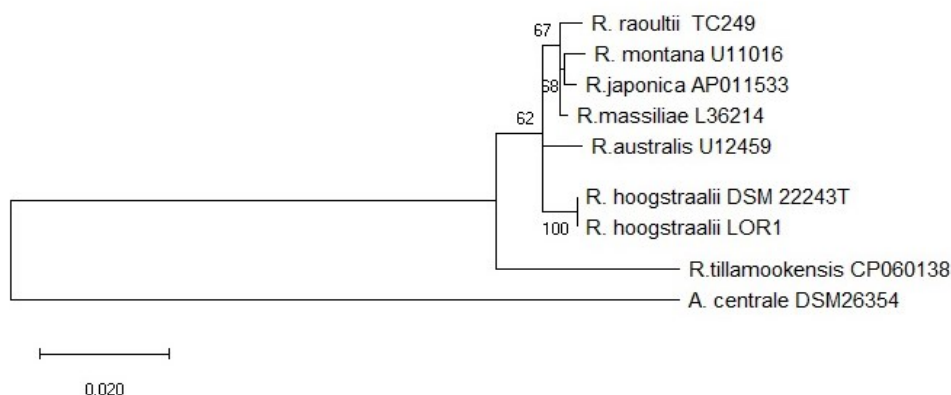


شکل ۳- الکتروفورز نمونه‌ها براساس ژن *gltA* (چاهک ۱ مارکر ۱۰۰ جفت بازی، چاهک ۲ کنترل مثبت، چاهک ۳ کنترل منفی، چاهک‌های ۴-۷؛ نمونه‌های مثبت، چاهک‌های ۸-۱۱ نمونه‌های منفی).

آنالیز فیلوژنی

نسخه ۱۱، با ۱۰۰۰ تکرار بوتاسترپ برای ارزیابی قابلیت اطمینان آماری هر گره ایجاد شد (شکل ۴). در این مطالعه گونه ریکتزیا هوگسترالی شناسایی شد و از اکتینو مایسس به عنوان out Group استفاده شد.

برای بررسی روابط تکاملی ریکتزیا‌های شناسایی شده، یک درخت فیلوژنتیکی بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن *gltA* طراحی شد. این درخت با استفاده از روش Neighbor-Joining (NJ) در نرم‌افزار MEGA X



شکل ۴- درخت فیلوژنتیکی توالی‌های ژن *gltA* جنس و گونه‌های ریکتزایی شناسایی شده در این مطالعه

رابطه فیلوژنتیکی قوی و تأیید هویت در سطح گونه است.

بحث

این مطالعه بررسی اولیه و شناسایی مولکولی جنس و گونه‌های ریکتزیا از نمونه‌های کهنه بز در استان لرستان را گزارش می‌دهد. نتایج دیگر مطالعات وجود کهنه‌های سخت هیالوما آسیاتیکوم، رپی سفالوس سنگوئینوس، همافیزالیس سولکاتا و درماستور مارژیناتوس را در غرب ایران نشان می‌دهد (Kooshki et al., 2020). در استان لرستان که

تجزیه و تحلیل فیلوژنتیکی نشان داد که تمام جدایه‌های ریکتزیا با سویه‌های مرجع بازیابی شده از GenBank خوشه‌بندی شدند و ۱۰۰ درصد شباهت توالی با گونه‌های استاندارد مانند *R. raoultii*، *R. montana*، *R. japonica*، *R. massiliae*، *R. australis* و *R. hoogstraalii* را نشان دادند. این جدایه‌ها یک کلاز متمایز و بسیار پشتیبانی شده با مقادیر بوتاسترپ از ۹۵ درصد تا ۱۰۰ درصد تشکیل دادند که نشان‌دهنده یک

میانگین دمایی در دو فصل تابستان و زمستان از حداقل ۱۰- تا حداکثر ۴۶ درجه سانتی‌گراد را نشان می‌دهد، وجود کنه‌های سخت از جنس‌های هیالوما، همافیزالیس و رپی سفالوس گزارش شده است (Najafi & Alizadeh, 2023).

افزایش دمای هوا در فصل تابستان در مقایسه با سایر فصول سردتر با افزایش آلودگی‌های کنه‌ای همراه بوده است، بنابراین گزارشات آلودگی کنه به ریکتزیا در دام‌های این نواحی به ویژه در فصول گرم سال دور از انتظار نیست (Aneela et al., 2023). در خصوص تشخیص مولکولی باکتری ریکتزیا، ژن *gltA* به دلیل حفاظت شده بودن نسبت به سایر ژن‌ها مانند *ompA* و *ompB* به راحتی قابل بررسی می‌باشد (Matei et al., 2021). شناسایی و تشخیص ریکتزیا در کنه‌ها به دو دلیل ضروری است، دلیل اول شناسایی کنه‌های آلوده به ریکتزیا در تشخیص جنس‌های کنه‌ای که ناقلین متداول ریکتزیا می‌باشند حائز اهمیت است و دلیل دوم، از دیدگاه بهداشت عمومی بررسی ارزیابی خطر مواجهه انسان با کنه‌ها و ابتلا به بیماری‌های ریکتزیایی را ممکن می‌سازد (Moutailler et al., 2016; Parola & Raoult, 2001).

اصلی‌ترین و مهم‌ترین بندپای ناقل ریکتزیا کنه‌ها می‌باشند. این باکتری‌ها عمدتاً بوسیله کنه‌ها منتشر می‌شوند اما هر کدام از انواع ریکتزیا توسط یک کنه خاص و در یک منطقه خاص منتقل می‌شوند. مهم‌ترین کنه در خانواده ایکسودیده گونه هیالوما می‌باشد. هر کدام از انواع کنه‌ها دارای میزبان منحصر به فرد می‌باشد به طوری که هر کدام از لاروها و نمف‌ها و بالغین دارای میزبان منحصر به خود می‌باشند. به عنوان مثال؛ خرگوش قهوه‌ای، جوجه تیغی و پرندگان اهلی و وحشی عمده‌ترین میزبانان لاروها و نمف‌های کنه‌ها هستند. اما کنه‌های بالغ میزبانان متفاوت است مانند سگ‌های گله. اطلاعات دقیق در خصوص تنوع زیستی و تنوع گونه‌ای بندپایان در هر منطقه نقش بسیار مهمی در پایداری سلامت محیط و اکوسیستم منطقه مورد مطالعه دارد. بدن موجودات بخصوص حیوانات مزرعه در زمره زیستگاه‌های بندپایان به خصوص کنه‌ها قلمداد می‌شوند. کنه‌ها از نظر تنوع، فراوانی و پراکنش با سایر حشرات رقابت می‌کنند و بعد از پشه‌ها بیشترین تعداد بندپا و شایع‌ترین بندپا را در جهان تشکیل می‌دهند (Baldridge et al., 2004).

در مطالعه‌ای توسط Ceylan و همکاران در سال ۲۰۲۱ در کشور ترکیه، ۵۱ گونه کنه مورد بررسی قرار گرفتند که ۴۳ گونه از خانواده ایکسودیده و ۸ گونه از خانواده آرگازیده بودن که این دوگونه در سراسر کشور ترکیه بیشترین گسترش و شیوع را داشتند. اما مهم‌ترین گونه‌ها شامل ایکسودیده، هیالوما، ریپسفالوس، همافیزالیس، درماستتر، آمبلیوما، ارگاس، اتوبیوس و ارنیتودوروس بودند. انتشار براساس فصل و انتشار غیرفصلی کنه‌ها در کشور ترکیه شامل رپی سفالوس و هیالوما در فصول بهار، تابستان و پاییز بود و همچنین گونه‌های ایکودس، درماستتر، هیالوما و هموفیزالیس در پاییز، زمستان و بهار دارای انتشار بودند و میزان عفونت در حیوانات معمولاً بالاتر از ۲۰ درصد در گله‌ها بوده که در مقایسه با پراکندگی و گسترش نمونه‌های مورد مطالعه گونه‌های هیالوما و رپی سفالوس دارای بیشترین میزان انتشار و گستردگی در منطقه خاورمیانه می‌باشد. لذا، بایستی مطالعات کامل‌تر و دقیق‌تری بر روی این گونه‌ها به عنوان مخزن باکتری ریکتزیا انجام شود. البته در بین کنه‌های جمع‌آوری شده در این مطالعه، جنس همافیزالیس در استان لرستان نیز همانند سایر مناطق خاورمیانه دارای فراوانی بیشتری بودند. با این وجود، برای اینکه متوجه شویم بیشتر میزان کنه‌ها در استان لرستان مربوط به کدام کنه‌ها می‌باشد نیاز به مطالعات دقیق‌تر و وسیع‌تری از نظر حجم نمونه و تعداد کنه‌ها می‌باشد.

در مطالعه مولکولی توسط افضل خانی و همکاران در سال ۲۰۲۲ در ایران (استان خوزستان)، باکتری ریکتزیا از کنه‌ها شناسایی شده است. درصد فراوانی گونه‌های کنه در استان لرستان می‌تواند بعلاجه همجواری با استان خوزستان و نقش مهاجرت و یا کوچ فصلی در فصل‌های مختلف سال بخصوص فصل‌های گرم باشد که این امر موجب انتقال شرایط فیزیکی و یا ژنتیکی در بین گونه‌های مورد بحث باشد. بررسی دقیق در این رابطه می‌تواند به تشخیص به موقع و ارائه راه کارهای مناسب در جهت مبارزه با انگل‌های مورد بحث کمک نماید. این امر قابل ذکر است که در مطالعه حاضر در نمونه کنه‌های بز، این باکتری تشخیص داده شده و تأیید شده است. بیشترین میزان آلودگی کنه مربوط به جنس همافیزالیس سولکاتا بوده است. مطالعات اخیر با موفقیت حضور ریکتزیا هوگسترالی را در کنه‌های سخت گوسفند شناسایی کرد و به طور موثری چالش‌های قابل توجهی در این زمینه برطرف شد. شیوع

ریکتزیا هوگسترالی در کنه‌های هیالوما و رپی سفالوس گزارش شده است. این یافته‌ها با شیوع سایر پاتوژن‌های ریکتزایی منتقله از کنه از جمله ریکتزیا ریکتزیا مطابقت دارد. همچنین مطالعات انجام شده، حضور باکتری ریکتزیا در گونه‌های مختلف انگلی خصوصاً کنه‌های رپی سفالوس، همافیزالیس، ایکسودیده، آرگاس، درماستور را نشان می‌دهد. شیوع باکتری ریکتزیا ریکتزیا در میزبان‌های متنوع از جمله پرندگان، بز، گوسفندان، گاو، مارمولک‌ها، خفاش و سگ‌ها بر همه‌گیری و توزیع جغرافیایی گسترده ریکتزیا در طیف وسیعی از میزبان تاکید می‌کند (Moutailler et al., 2016; Parola & Raoult, 2001).

نتیجه گیری

نتایج نشان می‌دهد که وجود کنه‌های سخت روی بدن دام‌های اهلی مثل بز، خطرناک‌ترین عامل برای پرورش دهندگان دام، دامپزشکان و سایر افراد مرتبط ایجاد می‌کند. نتایج این مطالعه درک ما را از وقوع آلودگی به ریکتزیا هوگسترالی در کنه‌های انگلی استان لرستان افزایش می‌دهد. به منظور جلوگیری از شیوع بیماری‌های مشترک بین انسان و دام، بررسی پتانسیل ناقل بودن کنه‌های مختلف برای سایر عوامل ریکتزایی حائز اهمیت است.

تشکر و قدردانی

نویسندگان این مطالعه از اساتید محترم و کارشناسان گروه میکروبیولوژی و بهداشت مواد غذایی دانشکده دامپزشکی دانشگاه لرستان به خاطر حمایت‌های ارزشمندشان در پیشبرد و فراهم آوردن امکانات لازم جهت انجام این پژوهش قدردانی می‌نمایند.

تعارض منافع

نویسندگان تصریح می‌کنند که هیچگونه تضاد منافی در مطالعه حاضر وجود ندارد.

مشارکت‌های نویسندگان

رشیدی: جمع آوری نمونه، استخراج DNA، نوشتن پیش نویس اصلی مقاله، نعمت شمس: نویسنده مسئول، نظارت بر انجام طرح، ویرایش مقاله، امین جایدی: راهنمایی انجام طرح، نوشتن پیش نویس مقاله، حسن نایب زاده: شناسایی کنه، ویرایش مقاله نهایی، پیمان خادمی: آنالیز داده‌های مولکولی، ثبت ژن در بانک ژن، رسم درختچه فیلوژنی.

منابع مالی

این مطالعه بخشی از پایان نامه کارشناسی ارشد دانشگاه لرستان می‌باشد.

بیانیه اخلاقی

این مقاله مستخرج از پایان نامه کارشناسی ارشد باکتری شناسی خانم حانیه رشیدی دانش آموخته دانشگاه لرستان با توجه به اینکه مطالعه بر روی حیوانات (از جمله خونگیری و تزریق دارو) نداشته است نیاز به دریافت کد اخلاق نداشته است.

References

- Abdoli, F., Mostafavi, E., Esmacili, S., & Rohani, M. (2022). Molecular detection and identification of *Rickettsia* spp. in collected ticks from domestic animals in Southeastern of Iran. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis*, 85, 101798. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2022.101798>
- Aneela, A., Almutairi, M. M., Alouffi, A., Ahmed, H., Tanaka, T., da Silva Vaz, I., Chang, S.-C., Chen, C.-C., & Ali, A. (2023). Molecular Detection of *Rickettsia hoogstraalii* in *Hyalomma anatolicum* and *Haemaphysalis sulcata*: Updated Knowledge on the Epidemiology of Tick-Borne *Rickettsia hoogstraalii*. *Veterinary Sciences*, 10(10), 605. <https://www.mdpi.com/2306-7381/10/10/605>
- Baldrige, G. D., Burkhardt, N. Y., Simser, J. A., Kurti, T. J., & Munderloh, U. G. (2004). Sequence and expression analysis of the ompA gene of *Rickettsia peacockii*, an endosymbiont of the Rocky Mountain wood tick, *Dermacentor andersoni*. *Applied and environmental microbiology*, 70(11), 6628-6636 .
- Blanda, V., D'Agostino, R., Giudice, E., Randazzo, K., La Russa, F., Villari, S., Vullo, S., & Torina, A. (2020). New Real-Time PCRs to Differentiate *Rickettsia* spp. and *Rickettsia conorii*. *Molecules*, 25(19). <https://doi.org/10.3390/molecules25194431>
- Blanton, L. S., & Walker, D. H. (2017). Flea-Borne Rickettsioses and Rickettsiae. *Am J Trop Med Hyg*, 96(1), 53-56. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0537>
- Ceylan, O., Xuan, X., & Sevinc, F. (2021). Primary tick-borne protozoan and rickettsial infections of animals in Turkey. *Pathogens*, 10(2), 231 .
- Hosseini chegeni, A ., Alizadehsarabi, z., & Nayeibzadeh, H. (2021). An Illustrated Guide to Identification of Ticks, (Acari: Ixodidae & Argasidae). *Species of external parasites of domestic animals in Iran In Persian* . .
- Hosseini Chegeni, A., Hosseini, R., Telmadarraiy, Z., & Abdigoudarzi, M. (2019). The Iranian *Hyalomma* (Acari: Ixodidae) with molecular evidences to understand taxonomic status of species complexes. *Persian Journal of Acarology*, 8(4). <https://doi.org/10.22073/pja.v8i4.49892>
- Khalili, M., Rezaei, M., Akhtardanesh, B., & Abiri, Z. (2018). Article Detection of *Coxiella burnetii* (Gammaproteobacteria: Coxiellaceae) in ticks collected from infested dogs in Kerman, Southeast of Iran. <https://doi.org/10.22073/pja.v7i1.30699>
- Kooshki, H., Goudarzi, G., Faghihi, F., Telmadarraiy, Z., Edalat, H., & Hosseini Chegeni, A. (2020). The first record of *Rickettsia hoogstraalii* (Rickettsiales: Rickettsiaceae) from *Argas persicus* (Acari: Argasidae) in Iran. *Systematic and Applied Acarology*, 25, 1611-1617. <https://doi.org/10.11158/saa.25.9.7>
- La Scola, B., & Raoult, D. (1997). Laboratory diagnosis of rickettsioses: current approaches to diagnosis of old and new rickettsial diseases. *J Clin Microbiol*, 35(11), 2715-2727. <https://doi.org/10.1128/jcm.35.11.2715-2727.1997>
- Matei, I. A ., Corduneanu, A., Sándor, A. D., Ionică, A. M., Panait, L., Kalmár, Z., & Mihalca, A. D. (2021). *Rickettsia* spp. in bats of Romania: high prevalence of *Rickettsia monacensis* in two insectivorous bat species. *Parasites & vectors*, 14(1), 107 .
- Mazlum, Z. (1971). Differents Ticks occurring in Iran (geographical distribution, seasonal activities, hosts), Bull. . *Faculty of Veterinary*, 27(1), 1-23 .
- Moreira-Soto, R. D., Moreira-Soto, A., Calderón-Arguedas, Ó., Jiménez, M., Corrales-Aguilar, E., & Troyo, A. (2023). Detection of *Rickettsia* spp. in ticks of wildlife fauna from Costa Rica: First report of *Rickettsia rhipicephali* in Central America. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 14(1), 102071. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102071>
- Moutailler, S., Valiente Moro, C., Vaumourin, E., Michelet, L., Tran, F. H., Devillers, E., Cosson, J. F., Gasqui, P., Van, V. T., Mavingui, P., Vourc'h, G., & Vayssier-Taussat, M. (2016). Co-infection of Ticks: The Rule Rather Than the Exception. *PLoS Negl Trop Dis*, 10(10), e0004539. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004539>
- Najafi, M., & Alizadeh, O. (2023). Climate zones in Iran. *Meteorological Applications*, 30, e2147. <https://doi.org/10.1002/met.2147>
- Ng-Nguyen, D., Hii, S.-F., Hoang, M.-T. T., Nguyen, V.-A. T., Rees, R., Stenos, J., & Traub, R. J. (2020). Domestic dogs are mammalian reservoirs for the emerging zoonosis flea-borne spotted fever, caused by *Rickettsia felis*. *Scientific Reports*, 10(1), 4151. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61122-y>

- Parola, P & ,Raoult, D. (2001). Ticks and tickborne bacterial diseases in humans: an emerging infectious threat. *Clin Infect Dis*, 32(6), 897-928. <https://doi.org/10.1086/319347>
- Portillo, A., de Sousa, R., Santibáñez, S., Duarte, A., Edouard, S., Fonseca, I. P., Marques, C., Novakova, M., Palomar, A. M., Santos, M., Silaghi, C., Tomassone, L., Zúquete, S., & Oteo, J. A. (2017). Guidelines for the Detection of Rickettsia spp. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 17(1), 23-32. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.1966>
- Prado, R., Araújo, I., Ferreira, G., Baeta, B., Freitas, A., Guterres, A., Fonseca, A., & Cordeiro, M. (2023). Molecular Detection of Rickettsia spp. in Free Living Ticks in Military Instruction Areas in Southeast Brazil. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 66, 2023. <https://doi.org/10.1590/1678-4324-2023230052>
- Service, M. (2008). *Medical Entomology for Students* (4 ed.). Cambridge University Press. <https://doi.org/DOI: 10.1017/CBO9780511811012>
- Wall, R. L., & Shearer, D. (2001). *Veterinary Ectoparasites :Biology, Pathology and Control* .