



بررسی مولکولی و هماتولوژیک آلودگی به *آناپلاسما مارژیناله* در گاو میش‌های رودخانه‌ای کشتار شده در اهواز

علی عباس نیکوند^۱، احسان حسن پور بساطی^۲، داریوش غریبی^۳، سیده میثاق جلالی^۱

^۱ گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

^۲ دانش آموخته دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

^۳ گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

doi 10.22059/jvr.2019.263796.2837

تاریخ دریافت: ۲۰ آذر ماه ۱۳۹۸، تاریخ پذیرش: ۲۱ بهمن ماه ۱۳۹۸

چکیده

زمینه مطالعه: اطلاعات اندکی در زمینه عفونت به *آناپلاسما مارژیناله* در گاو میش رودخانه‌ای موجود است و تا کنون گزارشی از آناپلاسموز بالینی گاو میش در ایران یافت نشده است.

هدف: بررسی مولکولی و هماتولوژیک آلودگی به *آناپلاسما مارژیناله* در گاو میش‌های به ظاهر سالم ارجاعی به کشتارگاه اهواز.

روش کار: از ۱۰۳ رأس گاو میش به ظاهر سالم ارجاعی به کشتارگاه نمونه‌های خون و بافت طحال اخذ گردید. نمونه‌های خون با روش‌های گسترش میکروسکوپی و PCR و نمونه‌های طحال فقط با آزمایش PCR بررسی شدند. در این مطالعه یک روش nested-PCR با تکثیر قطعه‌ای از ژن groEL باکتری مورد استفاده قرار گرفت.

نتایج: میزان آلودگی نمونه‌های خون و طحال به روش PCR به ترتیب ۳۱/۱ و ۱۹/۹ درصد بود. گاو میش‌هایی که در آزمایش PCR طحال مثبت بودند، در PCR خون نیز مثبت شدند. اجرام آناپلاسمایی در گسترش خونی ۱۵/۵ درصد نمونه‌ها مشاهده شد. ضریب توافق کاپای ضعیفی بین نتایج گسترش میکروسکوپی و PCR خون یافت شد. تفاوت معنی‌داری از نظر میانگین شاخص‌های هماتولوژیک بین دام‌های آلوده و غیر آلوده در روش PCR یافت نشد.

نتیجه‌گیری نهایی: میزان قابل توجه آلودگی به *آناپلاسما مارژیناله* در گاو میش‌های تحت مطالعه، می‌تواند نقش احتمالی گاو میش به عنوان مخزن عامل بیماری و انتقال آن را به گاو مطرح کند.

کلمات کلیدی: *آناپلاسما مارژیناله*، طحال، گاو میش رودخانه‌ای، PCR، groEL

کپی‌رایت © تحقیقات دامپزشکی: دسترسی آزاد؛ کپی‌برداری، توزیع و نشر برای استفاده کامل با ذکر منبع آزاد است.

نویسنده مسئول: علی عباس نیکوند، گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

پست الکترونیکی: a.nikvand@scu.ac.ir

مقدمه

شده است (۱،۴). نه تنها گاو، بلکه دیگر نشخوارکنندگان اهلی و وحشی مانند گاو میش رودخانه‌ای دچار عفونت دائمی و ناقل برای *آناپلاسما مارژیناله* می‌شوند (۱۶). آناپلاسموزیس می‌تواند با زیان اقتصادی چشمگیری همراه باشد، طوری که تخمین زده می‌شود که خسارات سالیانه اقتصادی ناشی از *آناپلاسما مارژیناله* در ایالات متحده به حدود ۳۰۰ میلیون دلار می‌رسد (۱۸). مطالعات

آناپلاسما یک باکتری داخل سلولی اجباری هست که اریتروسیت‌های مهره‌داران عالی به‌ویژه نشخوارکنندگان را آلوده می‌کند (۴،۱۲). از جنس آناپلاسما، *آناپلاسما مارژیناله* در گاو و نشخوارکنندگان وحشی و *آناپلاسما اویس* در گوسفند و بز عامل بیماری است. *آناپلاسما سنتراله* نیز که ارتباط نزدیکی با *آناپلاسما مارژیناله* دارد، عامل آناپلاسموز خفیف در گاو در آفریقا شناخته

رتیکولواندوتلیال خود صافاً طحال از گردش خون حذف می‌شوند (۴). همچنین، تاکنون مطالعه مولکولی که حضور آنپلازما مارژیناله در طحال گاومیش را بررسی کرده باشد، یافت نشده است. اینکه گزارشی از بیماری بالینی آنپلازما سموزیس در گاومیش رودخانه‌ای در مقایسه با گاو (۹) به ثبت نرسیده است، نظر به توضیحات ذکر شده این فرضیه از طرف نویسندگان مطرح است که ممکن است در گاومیش، طحال با فاگوسیتوز سریع گلبول‌های قرمز آلوده به آنپلازما مارژیناله، فرصت تکثیر بیشتر و ایجاد بیماری بالینی به باکتری را ندهد. با پذیرش این فرضیه انتظار می‌رود میزان آلودگی در طحال بیشتر از خون باشد. با توجه به موارد فوق، مطالعه حاضر با هدف بررسی مولکولی آلودگی به آنپلازما مارژیناله به روش PCR و برخی شاخص‌های هماتولوژیک آلودگی به این باکتری روی گاومیش‌های ارجاعی به کشتارگاه اهواز انجام گرفت.

مواد و روش کار

در فاصله زمانی شهریور تا آذر ۱۳۹۶ با مراجعه به کشتارگاه دام اهواز، از تعداد ۱۰۳ رأس گاومیش به‌ظاهر سالم (۳۶ رأس ماده و ۶۷ رأس نر با محدوده سنی ۱ تا ۱۰ سال) به‌صورت تصادفی پس از کشتار نمونه‌گیری به‌عمل آمد. دام‌های تحت بررسی نیز بر اساس وضعیت شیری و دائمی بودن دندان‌های ثنایا به دو دسته زیر ۲/۵ سال (شیری، نابالغ، ۲۹ رأس) و بالای ۲/۵ سال (بالغ، ۷۴ رأس) تقسیم شدند. بلافاصله پس از کشتار، از هر رأس دام یک نمونه خون اخذ شده و در دو لوله واجد ضد انعقاد EDTA جمع‌آوری گردید. یکی از نمونه‌های خون برای تهیه گسترش خونی و بررسی شاخص‌های هماتولوژی در همان روز نمونه‌گیری استفاده شد و دیگری جهت استخراج DNA تا زمان استخراج در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد.

پس از کشتار و باز شدن حفره بطنی طحال از حفره شکمی جدا و با استفاده از یک کارت پلاستیکی یک‌بار مصرف، پس از برش در سطح طحال مقداری از بافت طحال تقریباً ۱ سانتی‌متر برداشت و به یک میکروتیوب ۲ میلی‌لیتری استریل منتقل گردید. نمونه‌های طحال نیز تا زمان انجام استخراج DNA در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند.

تهیه گسترش میکروسکوپی و ارزیابی شاخص‌های

هماتولوژی: گسترش‌های خونی پس از رنگ آمیزی با گیمسا از نظر وجود اجرام آنپلازمایی، با بزرگنمایی ۱۰۰۰، مورد بررسی

سرولوژیک نشان داده‌اند که گاومیش آمریکایی مخزن آنپلازما مارژیناله می‌باشد و حیوانات مخزن می‌توانند منبعی ماندگار از خون آلوده جهت انتشار مکانیکی از طرق مختلف و نیز انتقال بیولوژیک توسط کنه‌ها باشند (۵). مشخصه بارز آنپلازما سموز بالینی، آنمی ناشی از فاگوسیتوز اریتروسیت‌های آلوده است. شدت علائم بالینی با درجه آنمی مرتبط است و شامل بی‌رنگی پوست و غشاهای مخاطی و افزایش ضربان قلب و تنفس می‌باشد (۴، ۱۲).

تشخیص آنپلازما سموز گاوی ممکن است به‌طور تجربی و بر اساس منطقه جغرافیایی، فصل و علائم بالینی و یا یافته‌های کالبدگشایی در حیوانات مبتلا صورت گیرد. جهت تأیید تشخیص آزمون‌های آزمایشگاهی مانند بررسی گسترش خون، روش‌های تشخیصی سرولوژیک یا مولکولی مورد نیاز است. از روش PCR با استفاده از پرایمرهایی از ژن اپران groEL برای تشخیص گونه‌های آنپلازما استفاده شده است (۲۲). ژن groEL، که کد کننده پروتئین‌های خانواده chaperonin است، در باکتری‌های متعددی یافت می‌شود (۲۷). مزیت آن این است که تغییرات بیشتری بین گونه‌ها نسبت به ژن 16S rRNA دارد (۸، ۲۵)، در حالی که ژن 16S rRNA دارای هم‌خوانی بسیار نزدیک بین گونه‌های نزدیک است (۲۶).

گاومیش در ایران در سه اقلیم متفاوت، مرتفع سردسیر، معتدل و مرطوب مدیترانه‌ای و پست جلگه‌ای گرم (شامل استان خوزستان و قسمتی از لرستان) نگهداری می‌شود (۷). بنابر گزارش مرکز آمار ایران در سال ۱۳۹۰، جمعیت کل گاومیش‌های ایران، حدود ۱۶۰ هزار رأس بوده و تقریباً ۱۰۰ هزار رأس آن در استان خوزستان پرورش داده می‌شوند. تولید شیر در گاومیش‌های مناطق مختلف ایران با همدیگر متفاوت است به‌طوری‌که تعداد روزهای شیردهی و مقدار شیر (کیلوگرم در سال) در گاومیش‌های خوزستان به ترتیب ۲۴۰ روز و ۱۹۰۰ کیلوگرم تعیین گردیده است (۲).

مطالعات اندکی در خصوص آلودگی به آنپلازما مارژیناله در گاومیش رودخانه‌ای در ایران در دسترس است. نتایج یک مطالعه در برزیل نیز نشان داده است که گاومیش آلوده به آنپلازما مارژیناله می‌تواند مخزن بیماری برای گاو باشد (۲۱). به طور طبیعی در طی آلوده شدن بیماران به آنپلازما مارژیناله، باکتری در درون اریتروسیت‌های آلوده اولیه پس از تکثیر و آگزوسیتوز به اریتروسیت‌های دیگر منتقل می‌شود. اریتروسیت‌های آلوده به واسطه فاگوسیتوز توسط سیستم

۱/۲۵ میکرولیتر پرایمر F2، ۱/۲۵ میکرولیتر پرایمر R2، ۹ میکرولیتر آب مقطر و ۱ میکرولیتر محصول PCR مرحله اول بود. چرخه‌های دمایی مرحله دوم PCR مشابه با مرحله اول بود با این تفاوت که فقط دمای اتصال پرایمرها برای سیکل سوم ۶۸ درجه سانتی‌گراد در نظر گرفته شد. سپس ۷ میکرولیتر از محصول PCR هر نمونه روی ژل آگارز ۱ در صد الکتروفورز شد. نمونه کنترل مثبت PCR از خون یک رأس گاو مبتلا به فرم بالینی *آنپلازما مارژیناله* که واجد پارازیتی شدید و مشخص در گسترش میکروسکوپی بود، استفاده شد. باند DNA با استفاده از اشعه UV توسط دستگاه ترانس لومیناتور مشاهده گردید.

تعیین توالی محصول PCR: برای تأیید موارد مثبت

آنپلازما مارژیناله در واکنش PCR، تعداد ۲ نمونه از موارد مثبت محصولات PCR (یک نمونه مربوط به خون و یک نمونه طحال) برای تعیین توالی نوکلئوتیدی به شرکت تکاپو زیست ارسال گردید. پس از دریافت نتایج تعیین توالی، توالی مربوطه توسط نرم افزار Bio Edit مورد بررسی قرار گرفت و در نهایت توالی نوکلئوتیدی به دست آمده با توالی نوکلئوتیدی موجود در بانک ژنی NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) مورد مقایسه قرار گرفت.

تحلیل‌های آماری: نتایج بدست آمده با استفاده از

نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۷ انجام گرفت. به منظور بررسی رابطه سن و جنس با میزان آلودگی و رابطه میزان آلودگی در PCR خون با میزان آلودگی در PCR طحال و گسترش میکروسکوپی از آزمون مربع کای (Chi-square test) استفاده شد. مقایسه آلوده با آزمون t مستقل (Independent sample t test) و نیز تعیین میزان توافق بین نتایج PCR خون با PCR طحال و گسترش میکروسکوپی از ضریب توافق کاپا (Kappa agreement) با درجه اطمینان ۹۵ درصد استفاده شد.

میکروسکوپی قرار گرفتند. در هر گسترش خونی حداقل ۲۰ میدان میکروسکوپی به‌طور دقیق مورد مشاهده قرار گرفت. مقادیر شاخص‌های هماتولوژی شامل تعداد تام گلبول‌های سفید (WBC)، گلبول‌های قرمز (RBC)، حجم فشرده سلولی (PCV) و غلظت هموگلوبین (Hb) دام‌های مورد مطالعه توسط دستگاه Auto Hematology Analyser (BC-2800 Vet, China, Mindray) تعیین گردید.

استخراج DNA و آزمایش PCR: استخراج DNA

نمونه‌های خون با استفاده از کیت (شرکت رها زیست پادتن، ایران) که برای تخلیص DNA ژنومی خون کامل به کار می‌رود، طبق دستورالعمل انجام گرفت. استخراج DNA نمونه‌های طحال با استفاده از کیت تجاری استخراج DNA از بافت Sina pure (سیناژن، ایران، PR8816113/EX6011) طبق دستورالعمل کیت انجام شد. نمونه‌های DNA تا زمان انجام آزمایش PCR در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. شناسایی *آنپلازما مارژیناله* در نمونه‌های DNA استخراج شده از خون و طحال با استفاده از تکثیر قطعه‌ای از ژن groEL این باکتری و به روش Nested-PCR انجام گرفت (۲۵). توالی پرایمرهای مورد استفاده مرحله اول و دوم PCR در جدول ۱ آمده است.

واکنش PCR در دو مرحله انجام شد. مرحله اول در حجم ۱۵ میکرولیتر و PCR مرحله دوم در حجم ۲۵ میکرولیتر انجام شد. مقادیر و اجزای واکنش PCR مرحله اول شامل: ۷/۵ میکرولیتر مسترمیکس، ۱ میکرولیتر پرایمر F1، ۱ میکرولیتر پرایمر R1، ۳/۵ میکرولیتر آب مقطر و ۲ میکرولیتر DNA استخراج شده بود. مقادیر مذکور در داخل یک میکروتیوب ۰/۲ میلی‌لیتری مخلوط و به دستگاه ترموسایکلر گرادینانت (Eppendorf، آلمان) منتقل گردید.

واکنش PCR مرحله دوم در حجم ۲۵ میکرولیتر انجام گرفت که اجزای واکنش حاوی: ۱۲/۵ میکرولیتر مسترمیکس،

جدول ۱. توالی پرایمرهای ژن groEL استفاده شده برای شناسایی *آنپلازما مارژیناله* در گاو میش‌های تحت مطالعه.

پرایمر	توالی نوکلئوتیدی
AM265F1 (مرحله اول)	5'-GACTACCACATGCTCCATACTGACTG-3'
AMA424F2 (مرحله دوم)	5'-GTCTGAAGATGAGATTGCACAGGTTG-3'

5'-GACGTCCACAACACTACTGCATTCAAG-3'

AM1574R1 (مرحله اول)

5'-CCTTTGATGCCGTCAGAGATGCA-3'

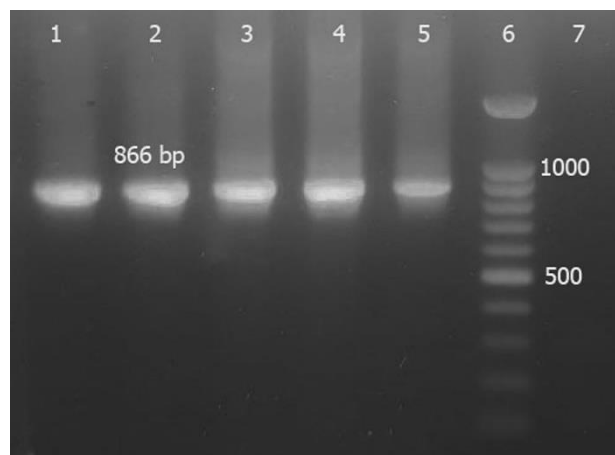
AM1289R2 (مرحله دوم)

*پرایمرهای F1 و R1 در مرحله اول و F2 و R2 در مرحله دوم PCR استفاده شدند.

جدول ۲. مقایسه مقادیر (میانگین و انحراف معیار) برخی شاخص‌های خونی گاومیش‌های تحت مطالعه بر اساس نتایج PCR خون و گسترش میکروسکوپی.

WBC ($\times 10^3$ میکرولیتر)	RBC ($\times 10^6$ میکرولیتر)	Hg (گرم/دسی‌لیتر)	PCV (درصد)	شاخص خونی روش تشخیص
9/2 ± 3/6	6/96 ± 1/1	10 ± 1/5	37/5 ± 7/5	PCR خون مثبت
8/5 ± 3/8	7/2 ± 1/3	10/3 ± 1/9	38/9 ± 7/3	PCR خون منفی
$P > 0.05$				P Value
7/5 ± 2/5	7/1 ± 1	10/1 ± 1/5	38/1 ± 6	گسترش میکروسکوپی مثبت
9/1 ± 3/9	7/1 ± 1/4	10/1 ± 1/9	37/4 ± 6/7	گسترش میکروسکوپی منفی
$P > 0.05$				P Value

(تصویر ۱). دو رأس گاومیشی که در آزمایش PCR طحال مثبت بودند، نتیجه PCR خون آن‌ها نیز مثبت گزارش گردید. از ۳۲ رأس گاومیشی که در آزمایش PCR خون آلوده بودند، ۹ رأس در آزمایش گسترش میکروسکوپی نیز واجد اجرام شبه آنپلاسمایی بودند. همچنین از بین ۷۱ رأس گاومیشی که نتایج PCR خون آن‌ها منفی بود، ۷ رأس در آزمایش گسترش میکروسکوپی مثبت تشخیص داده شدند. آزمون مربع کای نشان داد که ارتباط معنی‌داری بین نتایج PCR خون و گسترش میکروسکوپی وجود دارد ($P=0/03$). همچنین آزمون توافق کاپا نیز توافق ضعیفی ($Kappa=0/22$) بین نتایج دو روش تشخیصی را نشان داد.



تصویر ۱. محصول PCR نمونه‌های خون و طحال روی ژل آگارز ۱ درصد. چاهک‌های شماره ۱، ۲ و ۳ نمونه‌های مثبت خون، چاهک شماره ۴ نمونه کنترل مثبت، شماره ۵ نمونه مثبت طحال، شماره ۶ مارکر مولکولی ۱۰۰ bp، شماره ۷ کنترل منفی.

نتایج

نتیجه ارزیابی میکروسکوپی گسترش خونی ۱۰۳ نمونه خون گاومیش مورد مطالعه نشان داد که ۱۶ رأس (۱۵/۵ درصد) آلوده به اجرام شبه آنپلاسمایی بودند.

نتایج مولکولی و ارتباط آن با نتایج گسترش میکروسکوپی: در آزمایش مولکولی از ۱۰۳ نمونه خون گاومیش، ۳۲ نمونه (۳۱/۱ درصد) مثبت بودند. همچنین ۲ نمونه (۱/۹ درصد) از ۱۰۳ نمونه طحال گاومیش‌های مورد بررسی نیز در آزمایش PCR/آنپلازما مارژیناله مثبت شدند. محصول PCR مرحله دوم آنپلازما به اندازه مورد انتظار و یک باند مشخص ۸۶۶ bp بود

تعیین توالی محصول PCR: در جدول ۱، نام گونه تأیید شده، عدد دسترسی در بانک ژنی و درصد شباهت باکتری‌های مورد بررسی آمده است. دو توالی بررسی شده با توالی‌های آنپلازما مارژیناله از بانک ژن مذکور مطابقت داشتند. به گونه‌ای که در مورد آنپلازما مارژیناله مربوط به طحال، با توالی ثبت شده در بانک ژنی با شماره دسترسی KY523019.1، ۹۹ درصد شباهت و آنپلازما مارژیناله مربوط به خون با توالی ثبت شده در بانک ژنی با شماره دسترسی KY522982.1، ۱۰۰ درصد تشابه داشت.

نتایج شاخص‌های خونی: مقایسه میانگین شاخص‌های هماتولوژی PCV، HG، RBC و WBC بر اساس نتایج PCR خون و گسترش میکروسکوپی نشان داد که در دام‌های آلوده و غیر آلوده تفاوت آماری معنی‌داری مشاهده نگردید ($P > 0.05$)، (جدول ۲).

بحث

(۲۲). در این مطالعه نتایج آزمایش PCR نشان داد که نمونه‌های خون و طحال آلوده به *آنپلاسما مارژیناله* بودند. Saetiew و همکاران در سال ۲۰۱۵ در تایلند میزان آلودگی گاو میش به *آنپلاسما مارژیناله* را ۸ درصد تعیین کرده‌اند. در یک بررسی به روش PCR در آفریقای جنوبی میزان آلودگی گاو میش به *آنپلاسما مارژیناله* ۱۷/۳ درصد گزارش شده است (۲۲). شیوع *آنپلاسما مارژیناله* با آزمایش Nested-PCR روی ۵۰۰ رأس گاو میش در برزیل، ۵/۴ درصد تعیین شده است (۲۰). مقادیر آلودگی به *آنپلاسما مارژیناله* در مطالعات فوق الذکر: ۸ درصد (۱۹)، ۱۷/۳ درصد (۲۲)، و ۵/۴ درصد (۲۰) کمتر از مقدار آلودگی (۳۱/۱ درصد) به روش PCR در مطالعه حاضر می‌باشند. این اختلاف‌ها ممکن است متأثر از تفاوت نژادی گاو میش‌ها، استفاده از ژن‌های متفاوت در PCR و نمونه‌گیری در فصول متفاوت باشد (۱۴، ۱۹، ۲۲).

مطالعات نشان داده‌اند که گاو میش می‌تواند مخزن طبیعی عفونت به *آنپلاسما مارژیناله* باشد و نقش با اهمیتی در اپیدمیولوژی و انتشار *آنپلاسما* در بین جمعیت گاو‌ها داشته باشد (۲۱). با توجه به میزان آلودگی قابل توجه ۳۱/۱ درصد گاو میش‌های کشتار شده در مطالعه حاضر، می‌توان نقش احتمالی گاو میش به عنوان مخزنی قابل توجه برای حفظ عامل بیماری و انتقال آن به گاو مطرح باشد. میزان آلودگی گزارش شده به *آنپلاسما مارژیناله* با روش PCR در مطالعات انجام شده روی گاو توسط Shayan و Noaman در سال ۲۰۱۰، ۳۸/۶ درصد) و نیز Singh و همکاران در سال ۲۰۱۲، ۴۵/۲ درصد) بیشتر از مطالعه حاضر و حتی بیشتر از میزان آلودگی گاو میش در سایر مطالعات بود (۲۰).

مطالعه ملکولی بافت طحال و خون گاو میش‌های مورد مطالعه مثبت بودند. مطالعه مشابهی در ایران در زمینه PCR یا دیگر روش‌های تشخیص بافتی برای *آنپلاسما مارژیناله* در گاو و گاو میش یافت نشد. اما در مطالعه Eddlestone و همکاران در سال ۲۰۰۶ که به صورت تجربی ۴ قلاده سگ را به *آنپلاسما پلاتیس* آلوده کردند، با استفاده از PCR خون، طحال و مغز استخوان مشاهده شد که در ۵۰ درصد موارد *آنپلاسما پلاتیس* ردیابی شد. یک فرضیه که در این مطالعه مطرح بود، نقش احتمالی طحال در تسریع فاگوسیتوز گلبول‌های قرمز آلوده به باکتری و حذف سریع آن‌ها از گردش خون قبل از تکثیر زیاد عامل بیماری در گلبول قرمز آلوده بود. محققین نقش پاسخ‌های سایتوکاینی در

در مطالعه حاضر گاو میش‌ها آلوده به گنجیدگی شبه *آنپلاسمایی* تشخیص داده شد. در مطالعه Razmi و همکاران در سال ۲۰۰۶، بررسی گسترش خونی از ۱۶۰ رأس گاو، نشان داد که ۱۹/۴ درصد به *آنپلاسما مارژیناله* آلوده بودند (۱۷). مطالعه Rajapat و همکاران در سال ۲۰۰۵ از گسترش میکروسکوپی ۲۵۰ رأس گاو و ۲۵۰ رأس گاو میش در لاهور پاکستان به ترتیب ۱۳/۶ و ۱۳ درصد آلودگی به *آنپلاسما مارژیناله* را نشان داد. Khan و همکاران در سال ۲۰۰۴ شیوع *آنپلاسما مارژیناله* توسط گسترش خونی در گاو را ۱۷/۳ درصد و در گاو میش ۱۳ درصد به ثبت رسانده‌اند. در هیچ یک از آلودگی‌های فوق نشانه‌های بالینی در گاو میش‌ها گزارش نشده است. بررسی گسترش میکروسکوپی نمونه‌های خون ۱۵۰ رأس گاو از استان اصفهان، ۱۰/۶ درصد آلودگی به *آنپلاسما مارژیناله* را نشان داد (۱۵). نتایج تمام مطالعات ذکر شده در بالا از نظر میزان آلودگی تقریباً با نتیجه میزان آلودگی به روش گسترش میکروسکوپی در مطالعه موجود هم‌خوانی دارد.

شیوع *آنپلاسما مارژیناله* در گاو میش در هند با استفاده از گسترش میکروسکوپی، صفر درصد گزارش شد (۲۴). میزان آلودگی گزارش شده در این مطالعه با میزان آلودگی در مطالعه حاضر مطابقت نداشت. صرف نظر از عوامل متعددی از جمله روش تهیه و رنگ آمیزی گسترش، نوع مواد مورد استفاده و مهارت در تشخیص به این روش نیز ممکن است در تعیین میزان آلودگی اثرگذار باشد. نتایج مطالعه Vahora و همکاران در سال ۲۰۱۲ با مطالعه حاضر هم‌راستا نبود (۱۷، ۱۶، ۱۰). قطعاً چنین نتایجی که فقط با بررسی‌های میکروسکوپی به دست آمده است از دقت کمتری برخوردار است، زیرا علاوه بر آن که این روش در موارد مزمن بیماری و دام‌های حامل پاسخگو نیست، بلکه ارگان‌سیم‌های *آنپلاسمایی* فاقد ویژگی‌های ریخت‌شناسی متمایز کننده هستند و در میزان کم پارازیتی ممکن است از اجسام هاول جولی و یا رسوب رنگ قابل تفریق نباشند (۳).

بررسی PCR به عنوان یک روش دقیق‌تر جهت شناسایی و تفریق گونه‌های *آنپلاسما* در حیوانات حامل، نشان از حضور آلودگی به *آنپلاسما مارژیناله* در گاو میش‌های مورد مطالعه فاقد علائم بالینی داشت. محققین متعددی از این روش جهت شناسایی و تفریق گونه‌های *آنپلاسما* در حیوانات حامل و نیز ناقلین کنه‌ای استفاده نموده‌اند (۲۳، ۱۵، ۶). روش PCR با پرایمرهایی از ژن *groEL* برای تشخیص گونه‌های *آنپلاسما* استفاده شده است

به عنوان مخزن برای حفظ عامل بیماری و انتقال آن به گاو مطرح باشد. بنابراین، در خصوص ارتباط بین گونه *آناپلازما مارژیناله* در گاومیش رودخانه‌ای با گونه آلوده کننده و بیماریزای آن در گاو انجام مطالعات مولکولی مربوطه، ضروری به نظر می‌رسد. توصیه می‌شود که در مطالعات آینده میزان باکتری می با استفاده از مطالعات مولکولی کمی در گاوها و گاومیش‌های آلوده حامل (به ظاهر سالم) مورد بررسی قرار گیرد.

سیاسگزاری

نویسندگان این مقاله مراتب تشکر و قدردانی خود را از معاونت پژوهشی دانشگاه شهید چمران اهواز بخاطر تأمین هزینه‌های این مطالعه که مستخرج از پایان نامه دوره دکتری عمومی دامپزشکی می‌باشد، ابراز می‌نمایند.

تعارض منافع

بین نویسندگان تعارض در منافع گزارش نشده است.

مقاومت به آناپلازما سموز در گاومیش را مرتبط دانسته‌اند (۱۳). در صورتی که میزان آلودگی در طحال بیش از آلودگی خون می‌بود، نتایج می‌توانست در پذیرفتن نقش احتمالی طحال در پیشگیری از بیماری بالینی کمک کننده باشند. با توجه به اینکه در مطالعه حاضر تعداد بسیار اندکی از نمونه‌های طحال در مقایسه با نمونه‌های خون در آزمایش PCR، آلوده بودند، لذا چنین نقشی برای طحال مفروض نیست. تحقیقات نشان داده است که در طی فاز حاد ابتلا به *آناپلازما مارژیناله* در گاو میزان پارازایتمی ممکن است فراتر از 10^9 اریتروسیت آلوده در هر میلی‌لیتر خون برسد (۱۱). میزان پارازایتمی در گاوهای حامل نیز از 10^3 تا 10^5 اریتروسیت عفونی در هر میلی‌لیتر خون گزارش شده است (۴). این میزان در گاومیش‌های آلوده بررسی نشده است. یک دلیل احتمالی دیگر که ممکن است گاومیش در مقابل گاو به بیماری مبتلا نشود این است که ممکن است میزان باکتری می در گاومیش‌های مبتلا به حدی نرسد که منجر به بیماری بالینی شود.

نتیجه‌گیری: نظر به میزان آلودگی قابل توجه گاومیش‌های کشتار شده به *آناپلازما مارژیناله*، می‌توان نقش احتمالی گاومیش

References

- Aubry, P., Geale, D.W. (2011). A review of bovine anaplasmosis. *Transbound Emerg Dis*, 58(1), 1-30. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2010.01173.x>
- Borghese, A. (2005) Buffalo production and research. (1st ed.) FAO of the United Nations, Rome, Italy. p. 1-5.
- Carelli, G., Decaro, N., Lorusso, A., Elia, G., Lorusso, E., Mari, V., Ceci, L., Buonavoglia, C. (2007). Detection and quantification of *Anaplasma marginale* DNA in blood samples of cattle by real-time PCR. *Vet Microbiol*, 124(1-2), 107-114. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.03.022>
- Constable, P.D., Hinchcliff, K.W., Done, S.H., Grunberg, W. (2017). *Veterinary Medicine*. (11th ed.) Elsevier Ltd. Philadelphia, USA. p. 769-775.
- De La Fuente, J., Golsteyn Thomas, E.J., Van Den Bussche, R.A., Hamilton, R.G., Tanaka, E.E., Druhan, S.E., Kocan, K.M. (2003). Characterization of *Anaplasma marginale* isolated from North American bison. *Appl Environ Microbiol*, 69(8), 5001-5005. PMID: [12902301](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12902301/)
- De La Fuente, J., Naranjo, V., Ruiz-Fons, F., Hofle, U., Fernandez de Mera, I. G., Villanua, D., Almazan, C., Torina, A., Caracappa, S., Kocan, K. M., Gortazar, C. (2005). Potential vertebrate reservoir hosts and invertebrate vectors of *Anaplasma marginale* and *A. phagocytophilum* in central Spain. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 5(4), 390-401. <https://doi.org/10.1089/vbz.2005.5.390>
- Farhoomand, P. (2000). Buffalo Production. (2nd ed.) Urmia University Press, Urmia, Iran. p. 1-15.
- Inokuma, H., Fujii, K., Okuda, M., Onishi, T., Beaufile, J.P., Raoult, D., Brouqui, P. (2002). Determination of the nucleotide sequences of heat shock operon groESL and the citrate synthase gene (gltA) of *Anaplasma (Ehrlichia) platys* for phylogenetic and diagnostic studies. *Clin Diagn Lab Immunol*, 9(5), 1132-1136. PMID: [12204973](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12204973/)
- Jassem, G.A., Agaar, O.A. (2015). Molecular and biochemical study of *Anaplasma marginale* in cattle in Wassit province of Iraq. *J Bacteriol Res*, 7(4), 36-41. <https://doi.org/10.5897/JBR2014.0142>
- Khan, M.Q., Zahoor, A., Jahangir, M., Mirza, M.A. (2004). Prevalence of blood parasites in cattle and buffaloes. *Pak Vet J*, 24(4), 193-194.
- Kieser, S.T., Eriks, I.S., Palmer, G.H. (1990). Cyclic rickettsemia during persistent *Anaplasma marginale* infection in cattle. *Infect Immun*, 58(4), 1117-1119. PMID: [2318532](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2318532/)
- Kocan, K.M., De La Fuente, J., Guglielmone, A.A., Melendez, R.D. (2003). Antigens and alternatives for control of *Anaplasma marginale* infection in cattle. *Clin Microbiol Rev*, 16(4), 698-712. <https://doi.org/10.1128/CMR.16.4.698-712.2003>
- Mingala, C.N., Konnai, S., Cruz, L.C., Onuma, M., Ohashi, K. (2009). Comparative moleculo-immunological analysis of swamp- and riverine-type water buffaloes responses. *Cytokine*, 46(2), 273-282. <https://doi.org/10.1016/j.cyto.2009.02.006>
- Mushtaq, A., Durranib, A.Z., Mushtaq, A., Parveena, S., Raanaa, W., Rafiquea, R., Azeem, T., Umarc, S. (2015). Molecular diagnosis of bovine Anaplasmosis in district Lahore. *Veterinaria*, 1(1), 7-12.
- Noaman, V., Shayan, P. (2010). Comparison of microscopy and PCR-RFLP for detection of *Anaplasma marginale* in carrier cattle. *Iran J Microbiol*, 2(2), 89-94. PMID: [22347555](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22347555/)

16. Rajput, Z.I., Hu, S.H., Arijio, A.G., Habib, M., Khalid, M. (2005). Comparative study of *Anaplasma* parasites in tick carrying buffaloes and cattle. *J Zhejiang Univ Sci B*, 6(11), 1057- 1062. PMID: [16252338](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16252338/)
17. Razmi, G.R., Dasrjerdi, K., Hosseini, H., Naghibi, A., Barati, F., Aslani, M.R. (2006). An epidemiological study on Anaplasma infection in cattle, sheep, and goats in Mashhad suburb, Khorasan province, Iran. *Ann N Y Acad Sci*, 1078, 479-481. <https://doi.org/10.1196/annals.1374.089>
18. Rymaszewska, A., Grenda, S. (2008). Bacteria of the genus Anaplasma - characteristics of Anaplasma and their vectors: a review. *Vet Med*, 53(11), 573-584.
19. Saetiew, N., Simking, P., Inpankaew, T., Wongpanit, K., Kamyngkird, K., Wongnakphet, S., Stich, R.W., Jittapalpong, S. (2015). Prevalence and genetic diversity of *Anaplasma marginale* infections in water buffaloes in Northeast Thailand. *J Trop Med Parasitol*, 38, 9-16.
20. Silva, J.B., Vinhote, W.M.S., Oliveira, C.M.C., André, M.R., Machado, R.Z., da Fonseca, A.H., Barbosa, J.D. (2014a). Molecular and serological prevalence of *Anaplasma marginale* in water buffaloes in northern Brazil. *Ticks Tick Borne Dis*, 5(2), 100-104. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2013.09.007>
21. Silva, J.B., Fonseca, A.H., Barbosa, J.D., Cabezas-Cruz, A., de la Fuente, J. (2014b). Low genetic diversity associated with low prevalence of *Anaplasma marginale* in water buffaloes in Marajó Island, Brazil. *Ticks Tick Borne Dis*, 5(6), 801-804. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.06.003>
22. Sisson, D., Hufschmid, J., Jolles, A., Beechler, B., Jabbar, A. (2017). Molecular characterisation of *Anaplasma* species from African buffalo (*syncerus caffer*) in kruger national park, South Africa. *Ticks Tick Borne Dis*, 8(3), 400-406. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2017.01.003>
23. Torina, A., Galindo, R.C., Vicente, J., Di Marco, V., Russo, M., Aronica, V., Fiasconaro, M., Scimeca, S., Alongi, A., Caracappa, S., Kocan, K.M., Gortazar, C., de la Fuente, J. (2010). Characterization of *Anaplasma phagocytophilum* and *A. ovis* infection in a naturally infected sheep flock with poor health condition. *Trop Anim Health Prod*, 42(7), 1327-1331. <https://doi.org/10.1007/s11250-010-9580-8>
24. Vahora, S.P., Patel, J.V., Patel, B.B., Patel, S.B., Umale, R.H. (2012). Seasonal incidence of haemoprotozoal diseases in crossbred cattle and buffalo in Kaira and Anand districts of Gujarat, India. *Vet World*, 5(4), 223-225. <https://doi.org/10.5455/vetworld.2012.223-225>
25. Ybanez, A.P., Sivakumar, T., Ybanez, R.H.D., Ratilla, J.C., Perez, Z.O., Gabotero, S.R., Inokuma, H. (2013). First molecular characterization of *Anaplasma marginale* in cattle and *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* ticks in Cebu, Philippines. *J Vet Med Sci*, 75(1), 27-36. PMID: [22878542](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22878542/)
26. Yu, X.J., Zhang, X.F., McBride, J.W., Zhang, Y., Walker, D.H. (2001). Phylogenetic relationships of *Anaplasma marginale* and '*Ehrlichia platys*' to other *Ehrlichia* species determined by GroEL amino acid sequences. *Int J Syst Evol Microbiol*, 51(3), 1143-1146. PMID: [11414267](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11414267/)
27. Zeilstra-Ryalls, J., Fayet, O., Georgopoulos, C. (1991). The universally conserved GroE (Hsp60) chaperonins. *Annu Rev Microbiol*, 45, 301-325. <https://doi.org/10.1146/annurev.mi.45.100191.001505>



Molecular and Hematologic Survey on *Anaplasma marginale* Infection in Slaughtered Water Buffaloes (*Bubalus bubalis*) in Ahvaz City, Iran

Ali Abbas Nikvand¹, Ehsan Hasanpour Besati², Darioush Gharibi³, Seyedeh Missagh Jalali¹

¹ Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran

² Graduated from the Faculty of Veterinary Medicine, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran

³ Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran

doi [10.22059/jvr.2019.263796.2837](https://doi.org/10.22059/jvr.2019.263796.2837)

Received: 11 December 2019, Accepted: 10 February 2020

Abstract

BACKGROUND: There is paucity of information about *Anaplasma marginale* (*A. marginale*) infection in water buffaloes and there have not been any reports of clinical anaplasmosis in the buffaloes in Iran.

OBJECTIVES: Molecular and hematologic survey on *A. marginale* infection in apparently healthy buffaloes referring to Ahvaz abattoir.

METHODS: Samples of blood and spleen tissue were obtained from 103 healthy buffaloes referring to the slaughterhouse. Blood samples were subjected to microscopic examination and PCR assay while spleen specimens were only analyzed by PCR. In this study, a nested-PCR method was used to amplify a fragment of the groEL gene of the bacterium.

RESULTS: According to PCR, 31.1% and 1.9% of examined blood and spleen samples were found positive for *A. marginale*, respectively. The buffaloes which were positive in spleen tissue PCR test were positive in blood PCR, as well. Microscopically, Anaplasma-like organisms were found in 15.5% of stained blood smears. There was a slight Kappa agreement between stained blood smears and PCR. No significant difference was found in hematologic values between the infected and non-infected buffaloes based on PCR results.

CONCLUSIONS: Significant occurrence of infection with *A. marginale* in the studied buffaloes can indicate the probable role of buffalo as a reservoir of the disease agent and its transmission to the cattle.

Keywords: *Anaplasma marginale*, GroEL, PCR, Spleen, Water buffalo

Copyright © 2020. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution- 4.0 International License which permits Share, copy and redistribution of the material in any medium or format or adapt, remix, transform, and build upon the material for any purpose, even commercially.

Corresponding author's email: a.nikvand@scu.ac.ir Tel/Fax: 061-33330073 / 061-33360807

How to cite this article:

Nikvand, A., Hasanpour Besati, E., Gharibi, D., Jalali, S. (2020). Molecularr and Hematologic Survey on *Anaplasma marginale* Infection in Slaughtered Water Buffaloes (*Buballous buballis*) in Ahvaz City, Iran. J Vet Res, 75(2), 192-199. <https://doi.org/10.22059/jvr.2019.263796.2837>

Figure Legends and Table Captions

Table 1. The sequences of primers to identify *Anaplasma marginale* infection in examined buffaloes.

Table 2. PCR and blood smear findings (mean ± SD) in examined buffaloes.

Figure 1. PCR products of blood and spleen of infected water buffaloes using 1% agarose. Lanes 1-3: infected blood samples, lane 4: positive control, lane 5: infected spleen sample, lane 6: 100-bp DNA ladder, lane 7: negative control.