

اصیل

اپیدمیولوژی مولکولی ویروس هاری در استان‌های تهران و البرز

فاطمه اخوان انوری^۱، مهدی فضلعلی‌پور^{۲*}، سیامک رفیعی مشهدی^۳، تاجیک پرویز^۳، محمد معافی^۱

۱. دکترای تخصصی ویروس‌شناسی، دانشکده دامپزشکی، گروه پاتوبیولوژی دانشگاه علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۲. *نویسنده مسئول: استادیار بخش تحقیقات و مرکز رفرانس هاری WHO انستیتو پاستور ایران، mfp.virology@gmail.com

۳. دانشیار، دانشکده دامپزشکی، گروه علوم درمانگاهی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۴. استاد تمام، دانشکده دامپزشکی، گروه علوم درمانگاهی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۵. استادیار، دانشکده دامپزشکی، گروه پاتوبیولوژی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

پذیرش مقاله:

دریافت مقاله:

چکیده

زمینه و هدف: هاری یکی از مهلک‌ترین زئونوزها است که تداوم چرخه انتقال آن در حاشیه شهرها، سلامت عمومی را تهدید می‌کند. استان‌های تهران و البرز به دلیل تمرکز بالای جمعیت، از کانون‌های حساس اپیدمیولوژیک کشور هستند. این مطالعه با هدف ردیابی مسیرهای ورود و الگوهای گردش ویروس هاری در این دو استان انجام شد.

روش: در این مطالعه توصیفی - تحلیلی، ۲۰ نمونه مغزی مثبت هاری حیوانی ثبت‌شده در انستیتو پاستور ایران از استان‌های تهران و البرز (۱۳۹۹ تا ۱۴۰۴) بررسی شدند. پس از استخراج اسید نوکلئیک و تعیین توالی، جایگاه نمونه‌ها در خوشه‌های ژنتیکی منطقه‌ای با روش‌های اپیدمیولوژی مولکولی تعیین شد.

یافته‌ها: تمامی نمونه‌ها به‌عنوان سویه‌های وحشی (Wild-type) ویروس هاری تایید شدند و تمایز ژنتیکی کاملی با سویه‌های واکسینال داشتند. یافته‌های ژنتیکی نشان داد ویروس‌های در گردش تک منشأ نبوده و با سویه‌های بومی سایر مناطق ایران، کریدور قفقاز و آسیای مرکزی قرابت دارند که نشان‌دهنده ورود و گردش چندمسیره ویروس به این کلان‌شهرها است.

نتیجه‌گیری: حضور سویه‌های وحشی با تبار ژنتیکی چندگانه نشان می‌دهد تهران و البرز کانون تلاقی انتقال فعال ویروس هستند. ارتقای سلامت عمومی نیازمند تعریف این مناطق به‌عنوان «سایت‌های دیده‌بان» (Sentinel Sites)، مراقبت فعال، مدیریت سگ‌های بلاصاحب و واکسیناسیون هدفمند در چارچوب رویکرد «سلامت واحد» (One Health) است.

کلیدواژه‌ها: اپیدمیولوژی مولکولی، سلامت عمومی، سلامت واحد (One Health)، ویروس هاری

مقدمه

ناشی از مدیریت موارد حیوان‌گزیدگی و اقدامات پیشگیری فعال، بار مالی و بهداشتی را بر سیستم‌های سلامت تحمیل می‌کند و این امر ضرورت بازنگری و تقویت استراتژی‌های نظارتی را برجسته می‌سازد (۲). ویروس هاری (RABV) از طریق دو چرخه متمایز اما در هم تنیده شهری (با واسطه سگ‌های اهلی و ولگرد) و وحشی (با واسطه گوشت‌خواران و سایر پستانداران وحشی) در طبیعت پایدار می‌ماند. افزایش تعامل انسان با حیات وحش، توسعه بی‌برنامه شهری، رشد جمعیت سگ‌های

هاری یکی از جدی‌ترین چالش‌های بهداشتی در سراسر جهان و یکی از کشنده‌ترین بیماری‌های ویروسی مشترک بین انسان و حیوان (زئونوز) است. این بیماری با وجود در دسترس بودن پروتکل‌های پیشگیری پس از مواجهه (PEP) و واکسن‌های ایمن، به دلیل میزان مرگومیر نزدیک به صددرصد پس از بروز علائم بالینی، همچنان سالانه قربانیان فراوانی - به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه - می‌گذارد (۱). هزینه‌های اقتصادی سنگین

Please cite this article as:

Akhavan Anvari F, Fazlalipour M, Mashhady Rafie S, Tajik P, Moafi M. Molecular Epidemiology of Rabies Virus in Tehran and Alborz Provinces. Iran J Cult Health Promot 2026; 10(2): P-P.

Copyright: © 2026 Iranian Journal of Culture and Health Promotion. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License

بدون صاحب در حومه شهرها و جابه‌جایی طبیعی یا مکانیکی حیوانات آلوده، مرزهای میانین دو چرخه را کمرنگ‌تر کرده و مدیریت بیماری را با پیچیدگی‌های جدی مواجه ساخته است (۳، ۴).

در ایران، هاری به‌عنوان یک بیماری بومی و باسابقه طولانی، همواره بویایی اپیدمیولوژیک قابل توجهی نشان می‌دهد (۵). وجود مخازن حیوانی متعدد، تردد گسترده حیوانات بدون صاحب، تنوع اقلیمی، و مرزهای زمینی طولانی با کشورهای همسایه - که امکان تبادل فرامرزی ویروس را فراهم می‌کند - از عوامل کلیدی تداوم چرخه انتقال این بیماری در کشور به‌شمار می‌روند (۵). در این میان، استان‌های تهران و البرز به دلیل بالای جمعیت انسانی، رشد سریع حاشیه‌نشینی، گسترش شهرنشینی، افزایش تماس انسان با حیوانات و لگرد و نقش ارتباطی با سایر استان‌ها، از نظر اپیدمیولوژیک اهمیت ویژه‌ای دارند (۶). گردش ویروس در این دو استان نه تنها کانون‌های محلی خطرناک ایجاد می‌کند، بلکه پتانسیل بالایی برای انتشار بیماری به سایر نقاط کشور دارد (۷).

همچنین داده‌های مولکولی و فیلوژنتیکی در خصوص سویه‌های در گردش این دو استان بسیار محدود است و اطلاعات کافی در باره الگوی ژنتیکی این ویروس‌ها در این مناطق وجود ندارد.

امروزه اپیدمیولوژی مولکولی به‌عنوان ابزاری کارآمد در خدمت سلامت عمومی قرار گرفته است. این رویکرد، فراتر از تأیید تشخیص‌های آزمایشگاهی معمول، به سیاست‌گذاران حوزه بهداشت امکان می‌دهد تا با ردیابی مسیرهای ورود ویروس، شناسایی کانون‌های فرامرزی و پایش اثربخشی برنامه‌های ایمن‌سازی، تصمیم‌گیری‌های مبتنی بر شواهد را اتخاذ کنند (۸، ۹). شناخت دقیق ارتباط میان سویه‌های در گردش و تفکیک سویه‌های وحشی از نشت‌های احتمالی واکسن در محیط، نخستین‌گام در طراحی یک ساختار کنترلی پویا و مؤثر به‌شمار می‌رود (۱۰).

تحقق هدف «حذف مرگ‌ومیر انسانی ناشی از هاری تا سال ۲۰۳۰» مستلزم رویکرد سلامت واحد (One Health) و هماهنگی بین‌بخشی میان نظام سلامت، دامپزشکی و حفاظت محیط‌زیست است (۱۱). در چارچوب توصیه‌های فنی سازمان جهانی بهداشت و اسناد عملیاتی کنترل هاری (۱۲، ۱۳)، مطالعه حاضر با بهره‌گیری از ردیابی مولکولی، وضعیت اپیدمیولوژیک و الگوهای ورود/گردش ویروس هاری در استان‌های تهران و البرز را بررسی می‌کند تا شواهد کاربردی برای ارتقای مراقبت، پیشگیری و کنترل این بیماری و حفاظت از سلامت عمومی ارائه شود.

روش

این مطالعه آزمایشگاهی با تحلیل مولکولی و فیلوژنتیکی بر روی ۲۰ نمونه مغزی مثبت ویروس هاری که از حیوانات مشکوک در نواحی شهری، روستایی و حاشیه‌ای استان‌های تهران و البرز طی سال‌های ۱۳۹۹ الی ۱۴۰۴ که در مرکز رفرنس هاری سازمان جهانی بهداشت انستیتو

پاستور ایران جمع‌آوری شده بودند، انجام شد.

به دلیل حادثه ناخواسته تخریب بخشی از آرشیو و پرونده‌های فیزیکی، دسترسی به جزئیات دقیق دموگرافیک نمونه‌ها شامل نوع مخزن حیوانی و موقعیت جغرافیایی (تهران یا البرز) و غیرممکن بود.

در مجموع، ۲۰ نمونه مغزی مثبت که تشخیص آن‌ها با آزمون ایمونوفلورسانس مستقیم (FAT) تأیید شده بود، وارد مطالعه شدند. تمامی مراحل کار با رعایت پروتکل‌های اخلاقی مصوب با کد اخلاق IR.PII.AEC.1404.007 انجام پذیرفت.

پس از استخراج اسید نوکلئیک (RNA) از بافت‌های مغزی آلوده و انجام فرآیند سنتز cDNA، تکثیر قطعات ژنومی ویروس با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) صورت گرفت. محصولات واکنش پس از تأیید بر روی ژل آگارز، برای تعیین توالی ارسال شدند. به منظور ردیابی منشأ و بررسی الگوهای انتشار، توالی‌های به دست آمده با بانک‌های اطلاعاتی مرجع جهانی (GenBank) مقایسه شدند. در نهایت، با استفاده از نرم‌افزار MEGA12، خوشه‌بندی و تحلیل ارتباط جغرافیایی نمونه‌ها انجام شد تا مسیرهای احتمالی انتقال ویروس به منطقه مشخص گردد.

یافته‌ها

بررسی نمونه‌های مثبت تأییدشده در استان‌های تهران و البرز نشان داد که ویروس هاری همچنان با پتانسیل بالا در جمعیت‌های حیوانی این مناطق در حال گردش است. تحلیل الگوهای ارتباطی نمونه‌ها مشخص کرد که سویه‌های موجود در این دو استان یکپارچه نبوده و از تنوع منشأ برخوردارند.

بر اساس یافته‌های حاصل از مقایسه توالی‌ها، نمونه‌های مورد مطالعه در سه خوشه اصلی بومی و منطقه‌ای قرار گرفتند:

خوشه بومی (ایران): گروهی از نمونه‌ها شباهت بسیار بالایی با سویه‌های سنتی و تثبیت‌شده بومی در بخش‌های مرکزی کشور نشان دادند؛ موضوعی که بیانگر پایداری کانون‌های قدیمی و گردش داخلی ویروس است.

خوشه شمال غربی (کریدور قفقاز): تعدادی از نمونه‌ها با ویروس‌های گزارش‌شده از کشورهای منطقه قفقاز (مانند گرجستان و آذربایجان) هم‌گروه شدند و این امر فرضیه ورود ویروس از مسیرهای تجاری و ترانزیتی شمال غرب کشور را تقویت می‌کند.

خوشه شرقی/شمال شرقی (کریدور آسیای مرکزی): گروه دیگری از ایزوله‌ها نزدیکی ژنتیکی مشخصی با سویه‌های مستقر در کشورهای آسیای مرکزی (همچون قزاقستان و تاجیکستان) و روسیه نشان دادند که بیانگر احتمال انتقال ویروس از مبادی ورودی شرق و شمال شرق کشور است.

نکته حائز اهمیت در بخش یافته‌ها، مقایسه نمونه‌های وحشی با سویه‌های استاندارد واکسن‌های هاری بود. تمامی نمونه‌های بررسی‌شده به وضوح در فاصله ژنتیکی مشخص و در خوشه‌های به‌طور کامل مجزا از

به دلیل شرایط ویژه اکولوژیکی و دموگرافیک، باید به عنوان «مناطق دیده‌بان (Sentinel Sites)» در سیستم ملی مراقبت هاری تعریف شوند. هرگونه تغییر در الگوی تنوع ژنتیکی ویروس در این دو استان می‌تواند پیش‌درآمدی بر دگرگونی‌های اپیدمیولوژیک در سطح ملی باشد (۵، ۱۱، ۱۲).

با وجود یافته‌های ارزشمند، این مطالعه با محدودیت‌هایی همراه بود؛ از جمله حجم نمونه محدود در برخی نواحی جغرافیایی و عدم دسترسی به داده‌های اپیدمیولوژیک کامل درباره تاریخچه دقیق جابه‌جایی حیوانات گزنده، که امکان ترسیم دقیق‌تر مسیرهای فیلوژئوگرافیک را با چالش مواجه می‌کرد. پیشنهاد می‌شود در مطالعات آینده، توالی‌یابی کل ژنوم (WGS) همراه با ثبت داده‌های دقیق مکانی - زمانی (Spatiotemporal) مربوط به حیوانات مبتلا به کار گرفته شود تا امکان تحلیل جامع‌تر مسیرهای انتشار و پویایی ویروس فراهم شود.

با توجه به تراکم بالای جمعیت انسانی، افزایش تماس انسان با سگ‌های ولگرد و حیوانات حاشیه‌ای و همچنین ثبت موارد متعدد حیوان‌گزیدگی و نیاز مستمر به درمان پیشگیری پس از مواجهه، این یافته تأکید می‌کند که هاری همچنان یک تهدید جدی برای سلامت عمومی در این مناطق محسوب می‌شود.

این یافته همچنین تأیید می‌کند که برنامه‌های واکسیناسیون، در صورت اجرای صحیح، هیچ خطر قابل‌توجهی برای ایجاد کانون‌های جدید بیماری ایجاد نمی‌کنند. بنابراین، تمرکز اقدامات کنترل باید بر مدیریت مخازن طبیعی و کاهش تماس انسان با حیوانات آلوده‌قرار گیرد؛ که نقش کلیدی در مهار چرخه‌های طبیعی انتقال دارد.

در نهایت، نتایج این پژوهش بر لزوم بازنگری در برنامه‌های کنترل سنتی و حرکت به سوی مدیریت یکپارچه پسماندهای شهری، واکسیناسیون خوراکی حیات‌وحش در مناطق کوهپایه‌ای البرز و ثبت و شناسنامه‌دار کردن سگ‌های صاحب‌دار تحت یک ساختار واحد بین‌دستگاهی تأکید می‌کند. این رویکرد می‌تواند کارآمدی برنامه‌های کنترل هاری را در مناطق پرخطر به طور چشمگیری افزایش دهد.

نتیجه‌گیری و پیشنهادهای کاربردی

تحلیل اپیدمیولوژیک ویروس هاری در استان‌های تهران و البرز نشان داد که چرخه انتقال ویروس وحشی با منشأهای جغرافیایی گوناگون در منطقه فعال است. به منظور ارتقای سلامت جامعه، کاهش بار مالی درمان‌های پیشگیری پس از مواجهه (PEP) و حرکت به سوی اهداف سازمان جهانی بهداشت برای حذف مرگ‌ومیر ناشی از هاری، راهکارهای سیاستی و مداخله‌ای زیر پیشنهاد می‌شود:

توسعه شبکه پایش هوشمند هاری: ایجاد سامانه ثبت الکترونیک و مکان‌مند (GIS) برای موارد حیوان‌گزیدگی و نتایج تشخیص‌های آزمایشگاهی در تهران و البرز، با هدف شناسایی سریع کانون‌های فعال بیماری.

سویه‌های واکسنی قرار داشتند. این موضوع تأیید می‌کند که عامل موارد ابتلا در این مناطق، به طور کامل ویروس‌های وحشی در حال گردش در طبیعت هستند و هیچ نشانه‌ای از نشت یا بازگشت سویه‌های واکسنی به حالت بیماری‌زا در جمعیت حیوانی منطقه مشاهده نشد.

بحث

تفسیر الگوی ژنتیکی ویروس‌های هاری شناسایی شده در استان‌های تهران و البرز نشان می‌دهد که احتمالاً گردش این ویروس در پایتخت و نواحی پیرامونی آن رانمی‌توان به یک منبع واحد یا یک مسیر انتقال منفرد محدود دانست. هم‌سویی جدایه‌ها با چند خوشه ژنتیکی مجزا، بیش از آنکه تنها یک یافته توصیفی باشد، بازتابی از ورودهای مکرر و چندمسیره (Multicentric introduction) ویروس به این منطقه است. تهران و البرز به عنوان قطب‌های اصلی ترانزیت، کانون‌های تمرکز جمعیت و محل تلاقی زیستگاه‌های کوهپایه‌ای با بافت‌های متراکم شهری، به صورت کانون‌های همگرایی اپیدمیولوژیک عمل می‌کنند؛ نقاطی که در آن‌ها چرخه‌های مختلف انتقال با یکدیگر تلاقی یافته و پویایی ویروس تقویت می‌شود (۶، ۸، ۹).

یافته کلیدی دیگر این پژوهش، فاصله ژنتیکی به طور کامل مشخص‌میان تمامی جدایه‌های وحشی بررسی شده سویه‌های واکسنی است. این نتیجه نشان می‌دهد که زنجیره انتقال فعال در حیات‌وحش و جمعیت سگ‌های بدون صاحب منطقه، به طور کامل ناشی از گردش طبیعی سویه‌های وحشی است و فرضیه نشت واکسنیا بازگشت سویه‌های واکسنی به حالت بیماری‌زا در چرخه انتقال مردود است. بر این اساس، اولویت‌های بهداشت عمومی و دامپزشکی باید بر مهار چرخه‌های طبیعی انتقال از طریق ارتقای واکسیناسیون حیوانات صاحب‌دار، پایش مستمر مخازن حیات‌وحش و مدیریت جمعیت سگ‌های بدون صاحب متمرکز شود (۱۰، ۱۱).

هم‌پوشانی و قرابت ژنتیکی برخی جدایه‌های این مطالعه با توالی‌های ثبت‌شده از مناطق قفقاز، آسیای مرکزی و روسیه، فرضیه انتقال فرامرزی و بین‌استانی ویروس را تقویت می‌کند. این الگوها به نظر می‌رسد ناشی از تحرکات غیرمجاز و کنترل‌نشده سگ‌های گله، سگ‌های نگهبان کارگاهی و یا قاچاق حیوانات خانگی از مبادی مرزی به سمت مرکز کشور هستند (۴، ۵، ۹). این موضوع نشان می‌دهد که کنترل هاری در پایتخت نیازمند فرمانطقه‌ای است؛ رویکردی که بر قرنطینه‌های سخت‌گیرانه جاده‌ای، پایش تردد حیوانات و هماهنگی‌های بین‌بخشی با استان‌های همجوار و مرزی تأکید دارد (۶، ۷). از سوی دیگر، مهاجرت طبیعی و فصلی گوشت‌خواران وحشی از ارتفاعات البرز به حاشیه شهرها در جستجوی غذا، پایداری ویروس را در مرز میان اکوسیستم طبیعی و شهری (Urban-Wild Interface) تضمین می‌کند (۳، ۴).

از منظر رویکرد سلامت یکپارچه (One Health)، استان‌های تهران و البرز

منابع غذایی در دسترس حیوانات ولگرد در حاشیه شهرها به عنوان روشی پایدار و زیست محیطی برای کنترل جمعیت مخازن شهری هاری. **کمپین های آموزش عمومی هدفمند:** تدوین برنامه های آموزشی رسانه ای در مدارس و مناطق حومه شهری درباره رفتار صحیح در مواجهه با حیوانات بدون صاحب، ضرورت شست و شوی فوری محل گاز گرفتگی با آب و صابون (به عنوان حیاتی ترین گام پیشگیری) و مراجعه سریع به مراکز بهداشت. **توانمندسازی جامعه محلی:** آموزش حامیان حیوانات، دهیاری ها و شوراهای محلی درباره خطرات بهداشتی غذا دادن غیر علمی و کنترل نشده به سگ های بدون صاحب که موجب تجمع غیر عادی مخازن بیماری در حاشیه شهرها می شود. **تشکیل کارگروه مشترک One Health:** ایجاد سازوکار هماهنگی عملیاتی و اشتراک داده های برخط میان سازمان های مسئول سلامت انسان، دام و محیط زیست در سطح استان های تهران و البرز. **ثبت مشخصات و ایمن سازی اجباری سگ ها:** الزام قانونی صاحبان سگ های نگهبان، گله و کارگاهی به واکسیناسیون سالانه و نصب میکروچیپ برای ردیابی و کنترل جابه جایی حیوانات.

فعال سازی مناطق دیده بان (Sentinel Sites): بهره گیری از موقعیت تهران و البرز برای پایش ورود سویه های جدید فرامرزی و اتخاذ تدابیر پیشگیرانه پیش از گسترش آن ها به سایر استان ها. **پایش فعال کانون های تماس (Interface Zones):** تمرکز برنامه های نظارتی بر مناطق حاشیه نشین، کارگاه های صنعتی، پارک های جنگلی و حریم زباله گاه های شهری؛ نقاطی که محل تداخل اصلی چرخه شهری و وحشی ویروس هستند. **برنامه ملی واکسیناسیون خوراکی حیات وحش (ORV):** ارزیابی و اجرای طرح های آزمایشی واکسیناسیون خوراکی با طعمه های حاوی واکسن در مناطق حفاظت شده پیرامون تهران (مانند پارک های ملی سرخه حصار و خجیر) با هدف قطع زنجیره انتقال از حیات وحش به سگ های ولگرد. **ارتقای برنامه های واکسیناسیون حیوانی:** افزایش پوشش ایمن سازی در جمعیت سگ های خانگی، نگهبان، کارگاهی و گله برای کاهش احتمال ایجاد حلقه های انتقال جدید. **مدیریت یکپارچه پسماند و جمعیت حیوانات بدون صاحب:** کاهش

منابع

- World Health Organization. Rabies: Key facts. Geneva: World Health Organization; 2023. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/rabies>
- Hampson K, Coudeville L, Lembo T, Achok E, Brunker K, Calistri P, et al. Estimating the global burden of endemic canine rabies. *PLoS Negl Trop Dis*. 2015;9(4):e0003709.
- Moradi G, Rasouli MA, Mohammadi P, Ghobadi V, Soltanian A, Hosseini SM. Epidemiologic aspects of animal bite, rabies, and predictors of delay in post-exposure prophylaxis: A national registry-based study in Iran. *BMC Public Health*. 2023;23(1):1234.
- Esmaili S, Bagheri Amir F, Mostafavi E. Spatial risk assessment and hotspot mapping of free-roaming dog bites in Tehran, Iran: A public health perspective. *J Wildl Biodivers*. 2022;6(3):112-125.
- Fazeli M, Alavi A, Hosseini S. Wildlife reservoirs of rabies in northern and central regions of Iran. *J Wildl Dis*. 2021;57(3):512-520.
- Janani AR, Fayaz A, Simani S, Farahtaj F, Eslami N, Howaizi N, et al. Epidemiology and control of rabies in Iran. *Dev Biol (Basel)*. 2008;131:207-211.
- Eslami N, Bokaie S. One Health approach to rabies control in metropolitan areas: A case study of Tehran. *Iran J Public Health*. 2022; 51(8): 1789-1798.
- Eslami N, Simani S, Janani AR, et al. Comparison of rabies cases received by the Shomal Pasteur Institute in Northern Iran: A 2-year study. *J Med Virol*. 2023;95(2):e28401.
- Nadin-Davis SA, Sheikholeslami MZ, Niroomand M, et al. Molecular and antigenic characterization of rabies viruses from Iran identifies variants with distinct epidemiological origins. *Epidemiol Infect*. 2003;131(2):981-990.
- Marston DA, Horton DL, Nadin-Davis SA, et al. Comparative genomics of rabies virus reveals patterns of ruling lineages in the Middle East and Caucasus. *PLoS Negl Trop Dis*. 2017;11(7):e0005781.
- Banyard AC, Horton DL, Freuling CM, et al. Control and elimination of rabies: Myth or reality? *Vaccine*. 2013;31(22):2583-2590.
- World Health Organization. WHO Expert Consultation on Rabies: Third report. Geneva: World Health Organization; 2018. WHO Technical Report Series, No. 1012.
- Lembo T, on behalf of the Partners for Rabies Prevention. The Blueprint for Rabies Prevention and Control: A novel operational guide for rabies elimination. *PLoS Negl Trop Dis*. 2012;6(2):e1388.

Original

Molecular Epidemiology of Rabies Virus in Tehran and Alborz Provinces

Fatemeh Akhavan Anvari¹, Mehdi Fazlalipour^{2*}, Siamak Mashhady Rafie³, Parviz Tajik⁴, Mohammad Moafi⁵

1. PhD Candidate in Virology, Department of Veterinary Pathobiology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran.
2. ***Corresponding author:** Assistant Professor, WHO Collaborating Center for Reference and Research on Rabies, Pasteur Institute of Iran (IPI), Tehran, Iran, mfp.virology@gmail.com
3. Associate Professor, Department of Veterinary Clinical Science, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran
4. Professor, Department of Veterinary Clinical Science, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran
5. Assistant Professor, Department of Veterinary Pathobiology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

Abstract

Background: Rabies is one of the most lethal zoonotic diseases, and its continuous transmission cycle in peri-urban areas poses a significant threat to public health. Tehran and Alborz provinces are critical epidemiological hubs due to high population density. This study aimed to trace the introduction pathways and circulation patterns of the rabies virus in these two provinces.

Methods: In this descriptive-analytical study, positive rabies animal brain samples registered at the Pasteur Institute of Iran from Tehran and Alborz (2020–2022) were analyzed. After nucleic acid extraction and sequencing, the phylogenetic position of the samples within regional genetic clusters was determined using molecular epidemiology methods.

Results: All samples were confirmed as wild-type rabies virus strains and exhibited clear genetic differentiation from vaccine strains. Phylogenetic analysis revealed that the circulating viruses clustered into three main lineages, showing similarities to indigenous Iranian strains and those reported from transition zones in the Caucasus and Central Asia.

Conclusion: The presence of diverse wild-type strains indicates that Tehran and Alborz serve as major convergence points for active viral transmission. Effective disease control necessitates designating these areas as “sentinel sites,” implementing active surveillance, managing stray dog populations, and conducting targeted vaccination under the “One Health” framework.

Keywords: Molecular Epidemiology, One Health, Public health, Rabies Virus

Please cite this article as:

Akhavan Anvari F, Fazlalipour M, Mashhady Rafie S, Tajik P, Moafi M. Molecular Epidemiology of Rabies Virus in Tehran and Alborz Provinces. Iran J Cult Health Promot 2026; 10(2): P-P.

Copyright: © 2026 Iranian Journal of Culture and Health Promotion. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License