zoonosis.ir

مجله بیماری های قابل انتقال بین انسان و حیوان

مقاله مروری

مروری بر عوامل بیماریزای ویروسی زئونوتیک در شترهای تک کوهانه (*Camelus dromedarius*)

مهسا رضوان[1*]، الهه میرانزاده[1]

۱. دکتری عمومی دامپزشکی، دانشکده دامپزشکی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد، ایران.

***نویسنده مسئول:** mahsarezvan@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۸/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۲/۰۲

چکیده

شترهای Dromedary، تک کوهانه، یا *Camelus dromedarius* تقریباً گونه‌های اهلی شده اند که در مناطق خشک به عنوان حیوانات بار و حیوانات تولید کننده گوشت و شیر رایج هستند .در حال حاضر، تقریباً ۳۰ میلیون شتر تک کوهانه وجود دارد که بیشترین تعداد آنها در آفریقا و خاورمیانه است. سرسختی شترها در مناطق خشک باعث شده است انسان‌ها بیشتر به آنها وابسته شوند، به ویژه در این زمینه از منبع پروتئین پایدار محسوب می‌شوند. شترها همچنین عوامل بیماری زا را به انسان و سایر حیوانات منتقل می‌کنند. این مسئله با توجه به تقاضای بشر برای گوشت با توجه به افزایش توانایی شترها به عنوان یک منبع یا ناقل بیماری‌ها، نگران کننده است. همچنین فقدان پروتکل‌های ایمنی زیستی و امنیت زیستی در بسیاری از مناطق، رشد ارتباط با حیات وحش و ارتباط گله های شتر با گونه‌های غیر اهلی، وجود دارد. ما در تحقیق‌مان به عنوان مروری بر بیماری‌های مشترک بین انسان و حیوانات ناشی از شتر، دریافتیم که اکثر نشریات (۶۵ درصد) بر روی سندرم تنفسی خاورمیانه (MERS) و تب دره ریفت (Rift Valley fever) تمرکز داشتند. مرگ و میر بالا از شیوع MERS در طول ۲۰۱۲-۲۰۱۶ باعث واکنش فوری جامعه تحقیقاتی شد، که با انتشار نشریات مربوط به سندرم تنفسی خاورمیانه نشان داده شده است. با این حال، ما ادعا می‌کنیم که بیماری‌های منتقله دیگری نیز در شترها وجود دارد مانند: تب خونریزی دهنده کریمه کنگو (Crimean–Congo hemorrhagic fever) که به همان اندازه مهم است و باید شامل تلاش‌های نظارتی شود. جمعیت شترها، به ویژه در آفریقای جنوبی، به طور تصاعدی به دلیل خشکسالی های طولانی مدت در حال افزایش است و بنابراین خطر ابتلا به بیماری‌های مشترک بین انسان و دام نیز افزایش می‌یابد. ما در این بررسی به مروری بر بیماری‌های مهم مشترک بین انسان و حیوانات در شترهای تک کوهانه، خطر آنها برای انسان و به بیان توصیه هایی برای به حداقل رساندن حوادث ناشی از آن پرداخته‌ایم.

کلمـات کلیدی: شتر تک کوهانه، عوامل ویروسی، اضافه جمعیت، زئونوز.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

مقدمه

در سراسر جهان تقریباً ۳۰ میلیون شتر تک کوهانه وجود دارد، که بیشترین تعداد آنها در آفریقا و خاورمیانه یافت می‌شود. به دلیل افزایش مصرف و تماس با گوشت و شیر، شترها منبع مهمی از انتقال بیماری‌های زئونز به انسان‌ها محسوب می‌شوند. دامدار تولید کننده فراورده‌های شتر، خطر سرایت بیماری از حیات وحش به جمعیت شتر و از شتر به حیات وحش را دارد و همچنین فرصت کمتر برای نظارت و کنترل بیماری‌ها را دارد. تا سال ۲۰۵۰ پیش بینی می شود جمعیت انسانی ۲/۵ میلیارد نفر افزایش یابد که تقریبا نیمی از رشد جمعیت در قاره آفریقا اتفاق می‌افتد (۱). همراه با افزایش جمعیت انسانی در آفریقا و خاورمیانه، جمعیت شتر با افزایش تقاضا تولید گوشت و شیر نیز رشد مداوم را تجربه کرده است (۲).

چوپان‌های کوچ نشین باعث تغییر وضعیت شهری یا کشاورزی برای پرورش شتر هستند و این تغییر در تولید شتر باعث خطرات احتمالی مانند ظهور و انتقال بیماری‌ها می‌شود. علاوه بر این، با تغییر آب و هوا و افزایش خشکسالی، سر سختی شتر باعث تغییر انتخاب چهارپایان و در نتیجه در بسیاری از مناطق جهان، پرورش شتر بسیار فراوان شده است (۳).

منابع محدود، سطح پایین مقررات، بهداشت نامناسب، تحرک زیاد حیوانات و دامداران و فقدان مراقبت‌های مداوم و اصولی دامپزشکی نیز به عنوان محرک انتقال بیماری‌ها عمل می‌کنند (۶-۴).

آگاهی از بیماری‌های ناشی از شتر، علائم بالینی و راه‌های انتقال برای کاهش خطرات انسانی از بیماری‌های زئونوز شتر اهمیت دارد. بسیاری بیماری‌های عفونی که در دهه های گذشته در آفریقا و خاورمیانه مورد توجه بوده است، مانند سندروم تنفسی خاورمیانه، درتماس با شتر مطرح شده است (۷).

علاوه بر این، بیماری‌های نو ظهور شتر همچنان شناسایی می‌شوند،که با گزارش‌های بیماری پریون از شترهای کشتارگاه الجزایر در طول ویرایش این مقاله مروری، منتشر شد (۸).

تحقیقات مهمی در زمینه سرم مثبت[1]و تشخیص بیماری‌های خاص شتر که پیامدهایی برای سلامت انسان دارند، انجام شده است؛ با این حال، نویسندگان نشریه‌ی مروری کاملی را در مورد بیماری‌های زئونوز شتر ارائه نکرده‌اند. پی بردن به متن کامل برای شناسایی خطراتی که شترها برای سلامتی انسان ایجاد می‌کنند انگیزه ای برای این بررسی بود. ما در این مقاله به مروری بر نشریاتی که راجع به شایع ترین میکروارگانیسم‌های ویروسی شتر و توصیه‌هایی برای نظارت و کنترل بیماری‌های ویروسی با بالاترین اولویت، پرداخته‌ایم.

مواد و روش‌ها

ما از دو موتور جستجو گوگل اسکالر[2] و پاب مد[3] برای جستجوی نشریات مربوط به بیماری‌های سرایت کننده از شتر و زئونوز پرداخته‌ایم. ما گوگل اسکالر را برای وسعت و حجم محتوا، در حالی که پاب مد را برای جستجوهای پزشکی و بهداشت عمومی انتخاب کردیم.

[1] Seropositivity
[2] Google Scholar
[3] PubMed

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

انتشارات در مورد شترهای دوکوهانه (*Camelus bactrianus*) مستثنی شدند زیرا در درجه اول حیوانات وحشی هستند و در درجه دوم تنها ۲ میلیون از کل ۳۰ میلیون شتر به عنوان چهار پایان برای حمل بار و غذا در کشورهای منتخب را شامل می شوند (۹).

برای تعیین کردن یک شبکه گسترده برای بیماری‌های احتمالی، ما بیماری‌های زئونوز خاص را جستجو نکرده‌ایم و در عوض نشریات طبقه بندی شده بر اساس بیماری‌ها را از متن‌های اولیه جستجو کردیم.

همه عبارت‌های جستجو شامل کلمات شتر و انسان و همچنین یکی از شش کلید واژه‌ها دیگر شامل: شترهای تک کوهانه+ عوامل ویروسی+ بیماری‌های زئونوز، اضافه جمعیت، شیوع و انتقال بیماری‌ها بودند.

برای هر جستجو، ما ۱۰۰ نتیجه اول مرتبط را بررسی کردیم. نشریات محدود به نشریات انگلیسی بودند ولی محدود به تاریخ و دیگر محدودیت‌ها نبودند. از مجموع ۱۰۵۴ مقاله، ۶۱۹ مورد مقاله غیر تکراری[1]، که ۳۰۴ مورد آنها مرتبط با موضوع بودند.

پنج مورد از این ۳۰۴ مقاله در مورد چندین بیماری‌های چندگانه، ۹۶ مقاله مربوط به انتقال عوامل بیماری‌زا از شتر، ۴۰ مقاله مربوط حیواناتی غیر از شتر، ۲۵ مقاله مطالعاتی که بر روی واکسن متمرکز شده است، ۲۲ مقاله بیماری‌های مختص شتر، ۱۵ مقاله مقالات/ سمینارها و ۱۱۷ مقاله در مورد موضوعات غیرمرتبط بودند. ما همچنین انتخاب کردیم که عوامل بیماری‌زای ویروسی را که یک اولویت در نشریات هستند، معرفی کنیم. مقالات با آزمایش سرولوژی مثبت در شتر، بیماری‌های احتمالی مشترک که از طریق ارتباط اپیدمیولوژیک شتر و انسان منتقل می‌شوند و عوامل بیماری‌زای شتر و جداسازی گونه‌های مشابه در انسان، معیارهای ورود مقالات مربوطه انتخاب شدند (۱۰).

نتایج

از طریق این متن مروری، ۳۰۴ مقاله بررسی شد که بین سال ۱۹۷۰ تا ۲۰۱۸ منتشر شده اند که عوامل احتمالی بیماری‌زا در شتر یا تأیید انتقال آنها به انسان را توصیف می‌کنند. تعداد ۳۷ عامل بیماری‌زای شتر شناسایی شد که ۱۳ مورد مربوط به بیماری‌های ویروسی بود. در این مطالعه، ۴۲ کشور مورد بررسی قرار گرفتند که ۳۶ مقاله از عربستان صعودی، ۲۷ مقاله از ایران، ۱۵ مقاله از کنیا و ۱۴ مقاله از مصر بودند.

نشریات طی هشت سال گذشته افزایش چشم‌گیری داشته اند و در طول پیک در سال‌های ۲۰۱۲ تا ۲۰۱۶ زمانی که تحقیقات زیادی در مورد سندرم تنفسی خاورمیانه انجام شد، اولین تشخیص مرگ و میر انسانی ناشی از این بیماری، در تعدادی آزمایشگاه در سال ۲۰۱۸ گزارش شده است (۱۱).

بیماری های ویروسی (Viral disease) اکثر نشریات (۱۱۸ نشریه) مربوط به سندرم تنفسی خاورمیانه (کروناویروس جدید) بودند. مقایسه ژنتیکی نشان می دهد سندرم تنفسی خاورمیانه جدا شده از شتر و انسان بسیار شبیه به هم هستند و شترها همچنان نتایج مثبت سرولوژی را در آزمایشات اخیر نشان می‌دهند (۱۲).

در این بررسی، ۱۹ مقاله در مورد تب دره ریفت نشان داد انتقال ویروس تب دره ریفت (RVF) با نتایج مثبت سرولوژی در شترها رایج است. چهار مورد از این مقالات تأکید کردند که چهار پایان مانند شتر، گاو وگوسفند به عنوان تقویت کننده مهم ویروس عمل می‌کنند (۱۶-۱۳).

[1] Unique

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

چهار مورد از نه نشریه درباره‌ی آبله شتری[1] در مورد انتقال به انسان بحث کردند، از جمله مقاله‌ای که اولین مورد تأیید شده آزمایشگاهی انسان درگیر شده با بیماری آبله شتری را گزارش کرده است (۱۷).

پنج مقاله در مورد هپاتیت E وجود داشت، که یکی از پنج مورد گونه‌های شناخته شده ویروس هپاتیت انسانی که درگوشت و شیر شتر از طریق تشخیص توالی یابی ژنوم کامل HEV IgM یا HEV RNA دخیل هستند، را شامل بود (۲۲-۱۸).

یکی از این گزارش‌ها، بیمار پیوند کبد در عربستان است که به طور منظم گوشت و شیر شتر مصرف کرده و به عفونت مزمن هپاتیت E دچار شده بود (۲۰). در حالی که هیچ نشریه ای شواهد بالینی انتقال هاری شتر و انسان را مستند نکرده است در یک مقاله شواهد احتمالی انتقال هاری شتر به انسان ارائه شده است (۲۳).

یک نشریه در سال ۲۰۱۸ اشاره کرد که HCoV-229E (کرونا ویروس غیر کشنده) مسئول بخشی از عفونت‌های دستگاه تنفسی فوقانی و تحتانی و قابل انتقال از شتر به انسان مشابه انتقال MERS است، بنابراین ممکن است شترهای تک‌کوهانه مخزن ویروس کرونا نیز باشند (۲۴ و ۲۵).

ویروس جدید بتا کرونا[2] UAE-HKU23 یا کرونا ویروس شترهای تک کوهانه[3]DcCOV در امارات متحده عربستان در ۵۲ درصد نمونه‌های سرم شتر مورد آزمایش، تشخیص داده شد.

از دیگر ویروس‌هایی که در شترها یافت شد می توان به ویروس تب خونریزی دهنده آلخورما، Alkurma hemorrhagic fever (AHF) n = 1، ویروس تب خونریزی دهنده کریمه کنگو (CCHF) n=4، روتاویروس n=2، اکتیمای واگیر دار شتر n=2، n=1 torque teno virus و ویروس دره قاضی خان n=1 اشاره کرد (۲۶-۳۵).

همچنین نمونه‌هایی را برای نایروویروس[4]های مرتبط با آنتی ژن مورد آزمایش قرار گرفت، از جمله ویروس دوگبه[5] (۳۶)، که در کنه‌های شترهای گاریسا و ایسیولو (Garissa and Isiolo) در بررسی بیماری‌های منتقله از کنه بین سال ۲۰۰۷ تا ۲۰۱۰ شناسایی شد (۳۷ و ۳۸).

نه درصد از ترکیب پول‌های تهیه شده از کنه به ویروس دوگبه مبتلا بودند که میزبان آنها شتر بود. ویروس دری(Dhori)، یک ارتومیکسویروس مشترک بین انسان و حیوان، در کنه های جمع آوری شده از شتر در Isiolo شناسایی شد و ویروس کوپه (Kupe)، که بیماری‌زایی آن در انسان ناشناخته است، در همان مطالعه شناسایی شد (۳۸-۴۰). در یک مقاله که به بررسی شیوع سرمی ویروس های آنفولانزای D و C (ICV IDV) در دام‌ها پرداخته است، تقریباً در خون همه شترهای کنیا نمونه برداری شده، آنتی بادی‌هایی نسبت به یک یا چند ویروس با واکنش متقابل بین IDV و ICV مشاهده شده است (۴۱).

در مطالعه دیگری، هاری، آبله شتر، سندروم تنفسی خاورمیانه MERS-CoV و تب خونریزی دهنده کریمه کنگو CCHF به عنوان عفونت‌های ویروسی مشترک بین شترها در ایران گزارش شده است (۵۴،۶۰،۷۷،۹۰).

هاری یک بیماری شایع مشترک بین انسان و دام است (۴۲) که توسط گروهی از ویروس‌های عصبی از جنس *Lyssavirus* از خانواده Rhabdoviridae ایجاد می شود، که گاهی اوقات به عنوان ویروس ژنوتیپ ۱ شناخته می شود تا آن را از سایر ویروس‌های نزدیک مرتبط با بیماری‌های مشابه متمایز کند (۴۳ و ۴۴).

[1] Camelpox
[2] Novel betacoronavirus
[3] Dromedary camel coronavirus
[4] Nairoviruses
[5] Dugbe virus

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

جدول ۱. اصطلاحات و مترادف‌هایی برای جستجوهای مربوط به عوامل بیماریزای شتر

عفونت های مشترک بین انسان و حیوانات و عوامل مرتبط	واژه ها و مترادف های سرچ شده
آبله شتری	“camelpox”, “pox” “poxvir *”, “orthopox *”
ویروس تب خونریزی دهنده کریمه کنگو	“Crimean-Congo haemorrhagic fever *”
پاتوژن های در حال ظهور	“emerging” AND “infection *” OR “virus *” OR “bacteria *”
ویروس سندروم تنفسی خاورمیانه	“Middle East respiratory”, “Middle Eastern respiratory”, “MERS”, “MERS-CoV”, “coronavir *”
تب کیو (کوکسیلا بورنتی)	“q fever *”, “coxiell *”
ویروس تب دره ریفت	“Rift Valley fever”, “RVF”

جدول۲. پاتوژن های ویروسی زئونوز در شترهای تک کوهانه

عامل	بیماری	نوع گونه	میزبان/ناقل	تستهای تشخیصی
ویروس	هاری	*Rhabdoviridae*	سگ/پستانداران/خفاش	Histopathological examination, antibody Fluorescent technique
ویروس	آبله شتری	*Poxviridae*	شتر	microscopy, Electron PCR (Bioneer Kit)
ویروس	سندروم تنفسی خاورمیانه	*MERSCoronavirus*	شتر/انسان	Serology test RT-PCR
ویروس	تب دره ریفت	*Rift Valley fever virus* Family*; Bunyaviridae*	شتر	In-house inhibition ELISA
ویروس	اکتیمای واگیر دار	*Orfvirus* Family*; poxviridae*	شتر	Clinical examination and electron microscopy
ویروس	بیماری حاصله از دوگبه ویروس	*Dugbe virus*	کنه	-
ویروس	تب خونریزی دهنده کریمه کنگو	*Nairoviridae*	شتر/کنه	ELISA
ویروس	بیماری حاصله از دری ویروس	Dhori virus	کنه	-
ویروس	آنفولانزا(ICV, IDV)	Influenza D virus Influenza C virus	شتر	Hemagglutination inhibition (HI), post-ICV hemadsorption HI, post-IDV hemadsorption

ویروس هاری تقریباً از همه پستانداران جدا شده است. گیاهخواران و انسان‌ها میزبان نهایی هستند و نمی توانند به طور معمول به عنوان ناقل نقشی ایفا کنند. گوشتخواران و خفاش‌ها منابع ویروس محسوب می شوند (۴۵).

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

اهمیت بیماری هاری شامل موارد زیر است:

۱) میزان کشندگی بالا (۱۰۰درصد) بطوریکه پس از ظهور علایم بالینی چه در انسان و چه در حیوان درمان پذیر نبوده و بیمار محکوم به مرگ خواهد بود (۴۶).

۲) افزایش روند موارد حیوان گزیدگی انسانی.

۳) تلفات و خسارات اقتصادی که بیماری در دام‌ها ایجاد می‌کند.

اقدامات پیشگیری در مواقع لزوم:

- شستشو و ضد عفونی کردن زخم با استفاده از آب و صابون
- واکسیناسیون بر علیه ویروس هاری

سالانه بیش از ۵۵۰۰۰ نفر در آسیا و آفریقا بر اثر هاری جان خود را از دست می‌دهند (۴۷). هاری در شترهای مراکش، موریتانی، سودان، یمن، عربستان سعودی، امارات متحده عربی، نیجر، اردن، هند، اسرائیل و ایران گزارش شده است (۵۰-۴۸). هاری در شتر تک کوهانه در دو شکل "خشم شدید" و "خشم خاموش" رخ می‌دهد، خشم خاموش به ندرت در شترها دیده می شود. حیوانات آلوده شده به ویروس از طریق بزاق به دنبال گزش یا خراش، ویروس را به دیگر حیوانات و انسان‌ها منتقل می‌کنند (۵۱).

ایران برای هاری بسیار بومی است، جایی که می‌تواند به راحتی در حیات وحش و چهارپایان گردش کند (۵۲ و ۵۳). این بیماری در همه استان‌ها به ویژه در مناطق شمال، شمال غرب و شمال شرق کشور شیوع دارد که گهگاه در شترهای ایران گزارش شده است (۵۴). بیشتر شترهای مبتلا به هاری از سیستان و بلوچستان و منطقه جنوب شرقی ایران گزارش شده است (۵۴-۵۶). سه شتر دارای هاری نیز از استان گلستان طی سالهای ۱۹۹۶–۲۰۰۶ گزارش شده است (۵۷ و ۵۸). در سال ۲۰۰۸، شیوع بیماری هاری شتر برای اولین بار در منطقه طرق رود استان سمنان، مرکز ایران در اثر حمله گرگ‌ها به شترها، گزارش شده اند. موارد دیگر شترهای دارای هاری از شهرستان خدا آفرین در استان آذربایجان شرقی، شمال غرب ایران، در سال ۲۰۱۲ گزارش شده است (۵۹). مطالعات بیشتری در مورد شترهای ایران برای داشتن مروری بهتر بر وضعیت هاری در حیوانات نیاز است. همانطور که این ویروس نوروتروپیک[1] و بسیار شکننده است، در آخرین خط مطالعات ممکن است حذف شود، به جز مواردی که بیماری را در شتر و سایر حیوانات گزارش می‌دهند. تحقیقات بیشتر ممکن است شامل واکسیناسیون سریع حیوانات در معرض و مشکوک برای جلوگیری از در معرض قرار گرفتن حیوانات وحشی از هاری باشد.

بیماری آبله شتری یکی از بیماری‌های مهم پوستی ویروسی شدیداً واگیر داری است که دارای مراحل متعددی است که حیوانات مختلف وانسان را مبتلا می‌کند و با تشکیل دانه‌های ریزی بر روی پوست، غشای مخاطی، پستان‌ها و نوک پستان‌ها مشخص می‌شود که تبدیل به تاول شده و پس از مدتی پاره شده، خشک می‌شود و از خود پوسته‌ها و دلمه‌هایی برجای می‌گذارد . بیماری آبله یا بشکل منتشر دیده می‌شود و همچون آبله گوسفند، بز وطیور وخرگوش و موش می‌باشد و یا این که به صورت موضعی و محدود نظیر آبله گاو و اسب تظاهر می‌یابد.

بیماری آبله شتر متداول ترین بیماری ویروسی شتر است. بنابر این در بسیاری از جاها گزارش شده است (۶۰). عامل این بیماری ویروس آبله شتر (CMLV) متعلق به خانواده Poxviridae است. این بیماری می تواند برای انسان نیز بیماری‌زا باشد (۶۱).

[1] Neurotropic

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

بیماری آبله شتری بیشتر درآسیا (ایران، عراق، عربستان سعودی، امارات متحده عربی، یمن، سوریه، هند، افغانستان و پاکستان)، آفریقا (الجزایر، مصر، کنیا، موریتانی، نیجر، سومالی، مراکش، اتیوپی، عمان، سودان و مناطق جنوبی اتحاد جماهیر شوروی سابق) گزارش شده است (۶۲). تظاهرات بالینی آبله شتر از بیماری خفیف سیستمیک موضعی تا شدید متفاوت است. مشخصه این بیماری افزایش اولیه دما، به دنبال آن بزرگ شدن غدد لنفاوی، ضایعات پوستی (ماکول‌های اریتماتوز، پاپول‌ها، وزیکول‌ها و پوسچول‌ها ایجاد می شود) (۶۳-۶۵). شترهای مبتلا شده، ویروس را در ترشحاتی مانند بزاق، شیر، ترشحات چشمی، ترشحات بینی و گال خشک جاری می‌کنند که از طریق استنشاق، سایش پوست و نیش کنه منتقل می‌شود (۶۶).

این اولین گزارش رسمی بیماری آبله شتر از یک شتر در منطقه بزمان استان سیستان و بلوچستان در سال ۱۹۵۷ بود. آبله شتر در سال ۱۹۷۹ در بمپور و زابل در استان سیستان و بلوچستان، جنوب شرقی ایران، گزارش شده است. شیوع بیماری آبله شتر در شترهای اصفهان، کرمان، فارس، خوزستان، سمنان، زابل و بمپور در سال ۱۹۸۴گزارش شده است (۵۹).

در سال ۱۹۹۳، ۶۲/۵ درصد از موارد بیماری آبله شتر در بین شترهای مستعد در شهرستان زرند، استان کرمان، جنوب ایران گزارش شده است (۶۷). در سال‌های ۱۹۹۶ و ۲۰۰۰، ۶ درصد و ۰/۰۱۸ درصد شترها به ترتیب در استان سیستان بلوچستان و استان تهران (پیشوا) مبتلا به آبله شتر بودند (۵۹).

در یک شیوع با بیماری آبله شتر در سال ۲۰۱۴، پوسته‌های ضایعات پوستی از شترهای آلوده استان قم (شهرستان خاش) در مرکز ایران و استان سیستان و بلوچستان در جنوب شرقی ایران و جنوب استان خراسان در شرق ایران جمع آوری شد. نمونه‌ها تقریباً ۱۰۰درصد با سویه‌های آبله شتر CMS و M-96 یکسان بودند. این نمونه ها همچنین ۹۹ درصد و ۹۵ درصد شباهت به ترتیب به سویه CP-1 و FIN/T2000 داشتند (۶۸).

برنامه واکسیناسیون برای پیشگیری و کنترل آبله شتری تقریباً در هر کشوری که شتر پرورش می‌دهد و برخی کشورهای دیگر (به عنوان مثال، عربستان سعودی، امارات متحده عربی و مراکش) که دارای مسابقات شترسواری هستند انجام می‌شود و آبله را کنترل می‌کند (۶۹). علاوه بر این، واکسن آبله شتر که زنده تخفیف حدت یافته شده است در حال حاضر در بسیاری از کشورها مانند افغانستان، بحرین، عراق، اردن، کویت، لبنان، عمان، پاکستان، سوریه، امارات، یمن، مصر، مراکش و روسیه استفاده می‌شود (۷۰). انواع واکسن‌های غیر فعال شتر در عربستان سعودی (۷۰) و امارات متحده عربی مورد استفاده قرار گرفته است (۶۴). هنوز واکسن غیر فعال یا زنده علیه آبله شتر در ایران تولید نشده است. به دلیل اهمیت بیماری آبله شتر و عدم مطالعه جامع در مورد این بیماری در ایران، برنامه‌های نظارتی و بازرسی بیشتری برای جلوگیری از شیوع این بیماری و ضررهای اقتصادی آن لازم است.

MERS-CoV یک کروناویروس جدید است که باعث بیماری تنفس حاد و شدید می شودکه اولین بار در سال ۲۰۱۲ در عربستان گزارش شده است (۷۲). این بیماری عمدتا در کشورهای خاورمیانه شامل عربستان سعودی، قطر، امارات، اردن، کویت، لبنان، عمان، ایران و یمن توصیف شده است همچنین بیماران وارداتی در الجزایر، اتریش، چین، مصر، فرانسه، آلمان، یونان، ایتالیا، مالزی، هلند، فیلیپین، کره جنوبی، تایلند، تونس، ترکیه، انگلستان و ایالات متحده آمریکا گزارش شده است (۷۳). MERS-CoV در بسیاری از شترهای تک کوهانه یافت شده است (۷۴) و در شترهای سراسر شبه جزیره عربستان و بخش هایی از آفریقا انزوتیک است که باعث ایجاد بیماری خفیف دستگاه تنفسی فوقانی در میزبان شتر می شود.

در این میان، نقش شترهای جوان بسیار مهمتر است چراکه عفونت معمولا در ابتدای زندگی شترها رخ می‌دهد. ترشحات بینی و چشم شترهای جوان دارای میزان ویروس بالایی است و قابلیت بیماری‌زایی انسان را دارند. از آنجا که شترهای جوان در

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

زمستان به دنیا می‌آیند و در ابتدای بهار جمعیت این شترهای آلوده شده می تواند بیماری را به انسان منتقل کند. در سال‌های اخیر، طی یک پدیده تدریجی، تعداد مراکز پرورش شتر در مجاورت شهرهای بزرگ عربستان افزایش یافته است. دیده می‌شود که برخی از زائران در دوران حج عمره خود، به قصد تبرک یا تفریح از شیر شتر عربستانی می‌نوشند و به این ترتیب، خود را در معرض ابتلا به این بیماری قرار می‌دهند. یکی از زائران کشور مالزی بعد از سفر عمره و ابتلا به بیماری تنفسی شدید تب دار ناشی از مرس جان خود را از دست داد. او در شرح سفر خود گفته بود که در عربستان، شیر تازه شتر نوشیده است .ویروس مرس میتواند در شیر شتر تا ۷۲ ساعت زنده بماند. از طرفی، موارد ابتلای اخیر در عربستان و امارات نشان می‌دهد بیماران، ویروس را از یک بیمار دیگر گرفته‌اند و این موضوع حکایت از انتقال انسان به انسان بیماری دارد. اما چگونه این بیماری از فردی به فرد دیگر منتقل میشود؟ از آنجا که این ویروس در ادرار، مدفوع، خون و ترشحات تنفسی و خلط بیماران مبتلا به مرس وجود دارد، میتوان دریافت که رعایت دقیق بهداشت و فاصله گرفتن از بیماران می‌تواند در پیشگیری از بیماری بسیار موثر باشد. اغلب کسانی که مبتلا شده اند، در تماس نزدیک با بیماران مبتلا به مرس بوده اند. به نظر میرسد شترهای تک کوهانه مدت کوتاهی درگیر می‌شوند و به نظر می‌رسد که ویروس پس از عفونت حاد پاک می‌شود. شترها همچنین ممکن است با انتقال ویروس به عنوان میزبان میانی عمل کنند (۷۵ و ۷۶).

در اکتبر ۲۰۱۴، سه مورد از MERS-CoV مرتبط با کروناویروس در بین ۱۸ شتر مستعد در شهرستان زابل استان سیستان و بلوچستان، جنوب شرقی ایران گزارش شد که منبع عفونت ناشی از واردات غیرقانونی حیوانات از پاکستان بوده است (۷۷). در دسامبر ۲۰۱۴، هشت شتر وارد شده غیرقانونی از پاکستان به ایران به MERS-CoV مبتلا شده بودند. حیواناتی که در بین ۱۸۶ شتر بودند در دو ایستگاه مرزی، یعنی زابل و میرجاوه در استان سیستان و بلوچستان آزمایش شدند (۷۸).

شش مورد عفونت MERS-CoV، پنج مورد در طی سال ۲۰۱۴ و یک مورد در سال ۲۰۱۵ در استان کرمان در جنوب ایران گزارش شده است. نتایج نشان داد این بیماری در کسانی که از حج برگشته بودند، وجود داشت (۷۹ و ۸۰).

در سال ۲۰۱۴، یک مطالعه مولکولی RNA پان کروناویروس[1] را در ۷/۱۴ درصد نمونه های سواپ بینی از شترهای ظاهراً سالم را نشان داد. نمونه های مثبت (۴/۰۸درصد) متعلق به استان آذربایجان غربی، در شمال غربی ایران و بقیه از استان کرمان، جنوب شرقی ایران جمع آوری شده بود (۸۱). با پیگیری نظارت و مراقبت در سراسر کشور، گزارش موارد بیشتر حیوانات و انسانهای مبتلا به MERS-CoV در ایران وجود نداشته است. شترهایی که از کشورهای همسایه وارد می‌شوند باید کاملاً به طور مداوم نظارت شوند.

تب خونریزی دهنده کریمه کنگو[2] یک بیماری ویروسی مشترک بین انسان و دام است که توسط کنه منتقل می‌شود که متعلق به مهمترین آربوویروس[3]های پزشکی از جنس ارتونیرو ویروس[4] و خانواده نیرو ویریده[5] است (۸۲). تب خونریزی دهنده کریمه کنگو اولین بار درسال۱۹۴۴با ابتلای ۲۰۰ نفر در شبه جزیره کریمه در اوکراین (اتحاد جماهیر شوروی سابق) مشاهده شده است (۸۲). امروزه در اکثر کشور های همسایه ایران مثل عراق، پاکستان، افغانستان، ترکیه، کشورهای عربی و ... بیماری شایع می‌باشد.

[1] Pancoronavirus RNA
[2] CCHF
[3] Arboviruses
[4] *Orthonairovirus*
[5] Nairoviridae

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

شایع ترین منابع ویروسی دام‌های اهلی شامل گوسفند، بز، گاو و شتر است که دارای عفونت‌های بدون علامت هستند (۸۴). انتقال ویروس به انسان از طریق گزش کنه آلوده، تماس مستقیم با گوشت تازه یا خون حیوانات مبتلا است(۸۳و۸۴).

تب خونریزی دهنده کریمه کنگو یکی از رایج ترین بیماری‌های ویروسی است که با کنه منتقل می شود (۸۵). توزیع جغرافیایی این بیماری با کنه‌های هیالوما همپوشانی دارد (۸۶). تب خونریزی دهنده کریمه کنگو در برخی از مناطق آفریقا، خاورمیانه و جنوب شرقی اروپا اندمیک است (۸۲). آزمایشات سرولوژی مثبت از این بیماری در عمان (۸۷)، ایران و نیجر گزارش شده است (۸۸). این بیماری از اکثر نقاط ایران گزارش شده است. اکثر گزارشات مربوط به استان سیستان و بلوچستان، در جنوب شرقی کشور، به دلیل مرز طولانی با دو کشور افغانستان و پاکستان است (۸۹ و ۹۰). آنتی بادی‌های تب خونریزی دهنده کریمه کنگو در(۳۸درصد) گوسفندان ایرانی، در (۳۶ درصد) بزها و در(۱۸ درصد) گاوها یافت می‌شود (۹۱).

در سال ۲۰۱۴، مطالعات سرو اپیدمیولوژیک ویروس تب خونریزی دهنده کریمه کنگو در شترهای استان خراسان (شمالی، جنوبی و رضوی) در شمال شرقی ایران، نشان داد که از ۱۷۰ شتر جمع آوری شده از مناطق مختلف خراسان، در مجموع ۵/۲۹ درصد از شترها دارای IgG مثبت بودند (۳۴). به صورت کلی و خلاصه، راه‌های انتقال به انسان، گروه‌های در معرض خطر، دوره کمون بیماری، علائم بیماری در انسان و پیشگیری تب خونریزی دهنده کریمه کنگو به صورت زیر است (۹۲).

راه های انتقال به انسان از طریق گزش کنه آلوده، ازطریق له کردن کنه، تماس مستقیم با لاشه گوشت، خون، ترشحات و بافت‌های آلوده، تماس با ترشحات، خون و تنفس افراد مبتلا و تنفس در تماس با دام‌های آلوده امکان پذیر است. گروه های در معرض خطر همه افراد جامعه احتمال ابتلا به بیماری را دارند، اما گروهای پر خطر شامل دامداران، دامپزشکان وکارکنان دامپزشکی، قصابان وکارکنان کشتارگاه، پزشکان، پرستاران، بهیاران وکارکنان بیمارستان، رستوران‌ها وکبابی‌ها هستند.

دوره کمون بیماری درانسان ۳ تا ۹روز است.

علائم بیماری در انسان تب ناگهانی، بدن درد، کوفتگی، ضعف، سردرد، درد شدید عضلات، بی اشتهایی، درد پشت حدقه چشم، ترس از نور، تهوع، استفراغ، گلودرد، دل درد و همچنین تغییرات خلقی مثل بی‌قراری و افسردگی است. در این بیماری علائم خونریزی از روز ۳ تا ۶ شروع می‌شود. پیشگیری شامل خودداری از له کردن کنه با دست یا روی بدن دام، خودداری از تماس بدن با ترشحات و خون دام، خودداری از کشتار دام در محل‌های غیر مجاز، تهیه گوشت مورد نیاز از محل‌های مطمئن و تحت نظارت دامپزشکی، نگهداری گوشت تازه به مدت ۲۴ ساعت در یخچال، روش‌های حفاظت شخصی در تماس با ترشحات و خون حیوان (پوشیدن دستکش، لباس بلند، چکمه، ماسک و عینک)، اجتناب از خوردن جگر خام و نیم پخته، نگهداری جگر، قلب و کلیه به مدت ۴۸ ساعت در یخچال و سپس استفاده از آن است.

از آنجا که تب خونریزی دهنده کریمه کنگو یک بیماری عفونی جدی حیوانات وارداتی است، باید با دقت بیشتری در نقاط مرزی کشور غربال شوند و یا باید در شهرهای مرزی کشتار شود تا واردات گوشت فرآوری شده امکان پذیر باشد.

بحث

همانطور که مطالعات نشان دادند تعداد مرگ و میر ناشی از ویروس ها در این بررسی بیشترین رتبه را دارند. انسان‌ها، که مرتبط به تغییرات آب و هوایی، افزایش جمعیت، کاهش تنوع زیستی و تغییر کاربری زمین هستند، محرک اصلی تکامل و گسترش بیماری‌های مشترک بین انسان و حیوان محسوب می‌شوند (۹۳).

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

ظهور سندروم تنفسی خاورمیانه، با شیوع بین سال ۲۰۱۲ و ۲۰۱۶، نتیجه این واقعیت‌ها بود و قابل تعجب نیست که سندروم تنفسی خاورمیانه همچنان مقادیر بالایی از تبلیغات و بودجه را به دلیل نرخ بالای مرگ و میر انسانی حدود ۳۵درصد، به خود اختصاص می دهد (۹۵). در حال حاضر هیچ واکسنی در برابر سندروم تنفسی خاورمیانه استفاده نمی‌شود، اما اطلاع از انتقال آن برای اجرای بهتر شیوه‌های ایمنی و بهداشت غذا در زنجیره ارزش شتر بسیار مهم است (۹۴).

تب دره ریفت (RVF) به عنوان دومین بیماری شایع مشترک بین انسان و حیوان است که از طریق شتر انتقال می‌یابد، کمتر مورد بررسی قرار گرفته و منبع مهمی از مرگ و میر نیست و تنها در ۳ درصد بیماران علائم کشنده مشاهده می‌شود. با این حال، یکی از علل مهم بیماری به ویژه در جمعیت‌های پرخطر مانند دامپزشکان، قصاب‌ها، دانشمندان،کارگران بهداشت حیوانات، کشاورزان و دامداران است (۹۵).

همین امر در مورد آبله شتر نیز صادق است که مشکلات بهداشتی جزئی برای پرورش دهندگان شتر دارد اما خسارات اقتصادی قابل توجه ناشی از مرگ شترهای جوان، کاهش تولید شیر و عوارض پایدار ایجاد می‌کند (۶۰).

سندروم تنفسی خاورمیانه، تب دره ریفت، آبله شتر، هاری، MERS-CoV و تب خونریزی دهنده کریمه کنگو برخی از شایع ترین ویروس‌های مشترک بین انسان و حیوانات قابل انتقال توسط شتر در این مرور بودند، اما برای پیشگیری آگاهی از ویروس‌های مرتبط بسیار مهم هستند.

تب خونریزی دهنده کریمه کنگو به عنوان یک بیماری با پتانسیل اپیدمیک به دلیل نرخ مرگ و میر بالا، و عدم وجود واکسن شیوع زیادی در آسیا و اروپا دارد (۹۶).

تب خونریزی دهنده آلخورما (AHF) نیز به دلیل خونریزی دهنده بودن علائم، ظهور اخیر و فقدان جزئیات علائم و انتقال، یک بیماری جالب به نظر می‌رسد. نرخ مرگ و میر این ویروس‌ها همراه با سایر تب‌های خونریزی دهنده به دلیل مشکلات تشخیص بیماری، زیاد است (۹۷). تب خونریزی دهنده آلخورما، تب خونریزی دهنده کریمه کنگو و دره قاضی خان از طریق پشه و کنه منتقل می شون که شترها به عنوان مخزن و تقویت کننده آنها عمل می کنند (۹۸). بنابراین، کنترل ناقل بیماری و نظارت بر مدیریت محیط زندگی شتر علاوه بر اقدامات بهداشتی فوق الذکر برای کنترل شیوع این بیماری‌ها می تواند بسیار مفید باشد.

بیماری‌های منتقله از غذا از اهمیت بالایی برخوردارند که با استقرار سریع شتر در زنجیره شیر و همچنین وسعت پاتوژن‌های منتقله از طریق غذا در بررسی ما بیان شده است (۹۹ و ۱۰۰). مکان‌هایی با عدم رعایت وجود پروتکل‌های مناسب از جمله مکان‌های پر خطر بیماری‌ها به شمار می‌آیند که نظارت سازمان‌های دولتی در مورد آموزش ایمنی غذا و رعایت شیوه‌های بهداشتی را می‌طلبد (۱۰۰).

مطالعات فراوانی میزان شیوع بالا سرمی پاتوژن‌های زئونوز در جمعیت‌های شتر را نشان می‌دهد که می تواند ارتباطی بین انتقال این عوامل بین انسان و حیوان باشد. با این حال، تعداد کمی از آزمون‌های استاندارد معتبر برای شترها وجود دارد که تشخیص و تأیید بیماری را دشوار می‌کند (۱۰۱).

مثبت بودن سرم نشانگر آنتی بادی است و نه آنتی ژن، بنابراین وضعیت عفونت فرد یا توانایی شتر برای انتقال عامل بیماری‌زا را مشخص نمی‌کند. مقالات مورد استفاده برای تأیید هر گونه در هر کشور یا جمعیت، ممکن است دقیق نباشد اما شیوع بالا همراه با موارد انتقال شناخته شده، راهنمای خطرات احتمالی هستند. علاوه بر این، ما نتایج را خودمان آنالیز نکرده‌ایم به ارزیابی روش‌های آماری و ارتباط بین عوامل بیماری‌زا و خطرات انسانی دسترسی نداشتیم. یکی دیگر از محدودیت‌های این مرور برای ما عدم وجود برخی مقالات محوری بود که این ممکن است به دلیل استفاده از گوگل اسکالر به عنوان یکی از دو موتور جستجوی

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

اصلی باشد. یک انتقاد رایج از گوگل اسکالر توانایی محدود برای مرتب سازی نتایج است که در نتیجه شواهدی وجود دارد که در بسیاری از موارد مهمترین بررسی متون را از دست می‌دهد (۱۰۲).

اگرچه ما از پاب مد هم استفاده کردیم ولی هنوز هم ممکن است انتشارات واجد شرایط به دلیل مرتب سازی و یا استفاده از فقط ۱۰۰ مورد اول، نتایجی را از دست داده باشیم. استفاده از موارد اضافی موتورهای جستجو یا عبارات جستجو ممکن است دامنه را بهبود ببخشد، که در آینده به آن توجه خواهیم کرد.

شترهای تک کوهانه مثل گاو و خوک جزء اصلی رژیم غذایی و زندگی انسان‌ها هستند، اما در مقایسه تحقیقات کمی از بیماری‌های مشترک بین انسان و دام را شامل می شود. هنگامی که نقشه تراکم جمعیت شتر در سایت جغرافیایی مقالات منتشر را بررسی کردیم، می‌بینیم که سطح تقاطع بالا در آفریقا، آسیا و خاورمیانه وجود دارد .

با این حال، این نقشه‌ها نیز نشان می‌دهد که در بسیاری از موارد بیماری‌های زئونوز منتقل شده توسط شتر محدود به تعداد شترها نیستند و عفونت‌های انسانی حتی در کشورهایی با جمعیت شتر بسیار کم و حتی بدون شتر هم رخ می‌دهد. بنابراین، دامپزشکان، کشاورزان و سایرین که در تماس نزدیک با محصولات شتر کار می‌کنند باید از این پاتوژن‌ها آگاه باشند. عوامل بیماری‌زا، نه فقط در مناطقی که شتر پرورش می‌یابد، بلکه همچنین جایی که محصولات شتر ساخته و حمل شوند نیز، ممکن است وجود داشته باشد. آشنایی با بیماری‌های منتقله از شتر برای محققان و کارمندان سلامت در سطح جهانی مهم است.

نتیجه گیری کلـی و پیشنهادها

شتر در خارج از مناطق گرم و خشک به عنوان مثال درکشورهای جنوب صحرای آفریقا یا خاورمیانه رایج نیست، اما اطلاعات حامل بودن بیماری برای محققان، پرسنل باغ وحش و مسافران مهم است شیوع سندرم تنفس خاورمیانه و ابولا[1] در سال‌های اخیر نشان داده اند که چگونه به سرعت عوامل بیماری‌زا می‌تواند در جمعیت‌های انسانی منتشر شود. گسترش جمعیت و فقدان سیستم‌های مراقبت بهداشتی گسترده، مناطق بومی شتر را به یک مکان بالقوه برای بیماری مشترک انسان و دام تبدیل کرده است. بسیاری از پاتوژن‌های زئونوز یک خطر فعلی یا احتمالی برای سلامت انسان هستند و باید توسط متخصصان پزشکی مورد توجه قرار گیرند، زیرا استفاده از شتر به عنوان یک منبع پروتئین در حال رشد است . همان قدر که داده‌های اپیدمیولوژیک را در مورد راه های انتقال و منابع عفونی جمع آوری کنیم، آمادگی بیشتری برای مدیریت و کاهش بیماری‌ها پیدا می کنیم.

شیر و گوشت شتر به عنوان یک منبع عفونت هستند و باید با پروتکل‌های کشتار مناسب، پاستوریزه کردن، و اقدامات بهداشتی، مدیریت شوند. شترهای تک کوهانه نیز به عنوان یک منبع و تقویت کننده قابل توجهی برای بیماری‌های منتقله از طریق ناقل عمل می‌کنند، بنابراین، واکسیناسیون شتر، کنترل پشه وکنه، به کار بردن حشره کش و غربالگری مداوم به کنترل میزان عفونت در شتر و انسان کمک خواهد کرد.

و اما در این قسمت لازم دانستیم نکات مهم جهت کاهش احتمال ابتلا به بیماری‌های مشترک بین انسان و حیوان را نام ببریم که شامل:

- پرهیز از کشیدن صورت روی بدن حیوان
- شستشوی دست‌ها بلافاصله پس از نوازش حیوان
- اجتناب از دست زدن به حیوانات ولگرد و غیرخانگی

[1] Ebola

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

- اجتناب از لمس حیوان هنگام صرف غذا
- استفاده از لباس و دستکش مناسب در صورت ذبح دام (تب کریمه کنگو)
- در صورت نیش پشه یا دیگر حشرات، شستشوی محل با آب و صابون

در این مقاله مروری، تعدادی از بیماری‌های ویروسی مشترک بین انسان و شتر تک کوهانه را بررسی کردیم. بررسی عوامل بیماری‌زای باکتریایی و انگلی مشترک انسان و شتر تک کوهانه، از دیگر اهدافمان در تحقیقات آینده است.

تقــدیر و تشــکر

جا دارد نویسندگان، از مقاله های A Review of Zoonotic Pathogens of Dromedary Camels و Zoonotic implications of camel diseases in Iran و MERS Coronavirus in Dromedary Camel Herd, Saudi Arabia و Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the One-Humped Camel (*Camelus dromedarius*) in East and Northeast of Iran و تمامی همکاران که در تنظیم و کمک به جمع آوری مطالب عمده مقاله حاضر نقش بسزایی داشته اند، سپاسگزاری نمایند.

تعارض منافع

هیچ‌گونه تضاد منافعی بین نویسندگان وجود ندارد و این مقاله با اطلاع و هماهنگی آنها ارسال شده است.

فهرست منابع

[1]. Roser M. Future population growth. Our world in data. Accessed 2018 May 3.

[2]. FAOSTAT.Food and agriculture organization corporate statistical database. Accessed 12 Apr 2018.

[3]. Watson EE, Kochore HH, Dabasso BH. Camels and climate resilience: adaptation in Northern Kenya. Human Ecology 2016; 44:701–713.

[4]. Gossner C, Danielson N, Gervelmeyer A, Berthe F, Faye B, Kaasik Aaslav K, Adlhoch C, Zeller H, Penttinen P, Coulombier D. Human-dromedary camel interactions and the risk of acquiring zoonotic Middle East respiratory syndrome coronavirus infection. Zoonoses Public Health 2016; 63:1–9.

[5]. Megersa B, Biffa D, Abunna F, Regassa A, Godfroid J, Skjerve E. Seroprevalence of brucellosis and its contribution to abortion in cattle, camel, and goat kept under pastoral management in Borana, Ethiopia. Tropical Animal Health and Production 2011; 43:651–656.

[6]. Ahmed MO, Elmeshri SE, Abuzweda AR, Blauo M, Abouzeed YM, Ibrahim A, Salem H, Alzwam F, Abid S, Elfahem A, Elrais A. Seroprevalence of brucellosis in animals and human. populations in the western mountain's region in Libya. Eurosurveillance 2010; 15:30.

[7]. Ferguson NM, Van Kerkhove MD. Identification of MERSCov.in dromedary camels. The Lancet Infectious Diseases 2014; 14:93–94.

[8]. Babelhadj B, Di Bari MA, Pirisinu L, Chiappini B, Gaouar SBS, Riccardi G, Marcon S, Agrimi U, Nonno R, Vaccari G. Prion.disease in dromedary camels, Algeria. Emerging Infectious Diseases 2018; 24:1029–1036.

[9]. IUCN Camelus ferus: the IUCN red list of threatened. species 2008; e.T63543a12689285.

[10]. QGIS Development Team.QGIS Geographic Information System. Open-Source Geospatial Foundation Project 2019.

[11]. Kupferschmidt K. The camel connection. Science 2014; 343:1422–1425.

[12]. Chu DKW, Hui KPY, Perera RAPM, Miguel E, Niemeyer D, Zhao J, Channappanavar R, Dudas G, Oladipo JO, Traore´ A, Fassi-Fihri O, Ali A, Demissie´ GF, Muth D, Chan MCW, Nicholls JM, Meyerholz DK, Kuranga SA, Mamo G, Zhou Z, So RTY, Hemida MG, Webby RJ, Roger F, Rambaut A, Poon LLM, Perlman S, Drosten C, Chevalier V, Peiris M. MERS coronaviruses from camels in Africa exhibit region-dependent genetic diversity. Proceedings of the National Academy of Sciences 2018; 115:3144–3149.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

[13]. Bird BH, Githinji JWK, Macharia JM, Kasiiti JL, Muriithi RM, Gacheru SG, Musaa JO, Towner JS, Reeder SA, Oliver JB, Stevens.TL, Erickson BR, Morgan LT, Khristova ML, Hartman AL, Comer JA, Rollin PE, Ksiazek TG, Nichol ST. Multiple virus lineages sharing recent common ancestry were associated. with a large Rift Valley fever outbreak among Livestock in Kenya during 2006–2007. Journal of Virology 2008; 82:11152–11166.

[14]. Britch SC, Binepal YS, Ruder MG, Kariithi HM, Linthicum KJ, Anyamba A, Small JL, Tucker CJ, Ateya LO, Oriko AA, Gacher u.S, Wilson WC Rift Valley fever risk map model and seroprevalence in selected wild ungulates and camels from Kenya. PLOS ONE 2013;8: e66626.

[15]. El Mamy ABO, Baba MO, Barry Y, Isselmou K, Dia ML, Hampate.B, Diallo MY, El Kory MOB, Diop M, Lo MM, Thiongane Y, Bengoumi M, Puech L, Plee L, Claes F, de La Rocque S, Doumbia B Unexpected rift valley fever outbreak, Northern Mauritania. Emerging Infectious Diseases 2011; 17:1894–1896.

[16]. El Mamy AB, Lo MM, Thiongane Y, Diop M, Isselmou K, Doumbia B, Baba MO, El Arbi AS, Lancelot R, Kane Y, Albina E, Ceˆtre-Sossah C Comprehensive phylogenetic reconstructions of Rift Valley fever virus: the 2010 Northern Mauritania Outbreak in the camelus dromedarius species. Vector-Borne and Zoonotic Diseases 2014; 14:856–861.

[17]. Bera BC, Shanmugasundaram K, Barua S, et al. Zoonotic cases of camelpox infection in India. Veterinary Microbiology. Aug 26 2011;152(1-2):29-38. doi: 10.1016/j.vetmic.2011.04.010

[18]. Pavio N, Meng X-J, Doceul V. Zoonotic origin of hepatitis E. Current Opinion in Virology 2015;10:34–41.

[19]. Khuroo MS, Khuroo MS Hepatitis E: an emerging global disease—from discovery towards control and cure. Journal of Viral Hepatitis 2016; 23:68–79.

[20]. Lee G-H, Tan B-H, Chi-Yuan Teo E, Lim S-G, Dan Y-Y, Wee A, Kim Aw PP, Zhu Y, Hibberd ML, Tan C-K, Purdy MA, Teo C-G Chronic infection with camelid hepatitis e virus in a liver transplant recipient who regularly consumes camel meat and milk. Gastroenterology 2016; 150:355–357.e3.

[21]. Rasche A, Saqib M, Liljander AM, Bornstein S, Zohaib A, Renneker S, Steinhagen K, Wernery R, Younan M, Gluecks I, Hilali M, Musa BE, Jores J, Wernery U, Drexler JF, Drosten C, Corman VM Hepatitis E virus infection in dromedaries, North and East Africa, United Arab Emirates, and Pakistan,1983–2015. Emerging Infectious Diseases 2016; 22:1249–1252.

[22]. Spahr C, Knauf-Witzens T, Vahlenkamp T, Ulrich RG, Johne R Hepatitis E virus and related viruses in wild, domestic and zoo animals: a review. Zoonoses Public Health 2018; 65:11–29.

[23]. Bloch N, Diallo I. A probable outbreak of rabies in a group of camels in Niger. Veterinary Microbiology 1995; 46:281–283.

[24]. Corman VM, Muth D, Niemeyer D, Drosten C. Hosts and Sources of Endemic Human Coronaviruses. Advances in Virus Research. 2018; 100:163-188. doi: 10.1016/bs.aivir.2018.01.001

[25]. Woo PCY, Lau SKP, Wernery U, Wong EYM, Tsang AKL, Johnson B, Yip CCY, Lau CCY, Sivakumar S, Cai J-P, Fan RYY, Chan K-H, Mareena R, Yuen K-Y Novel betacoronavirus in dromedaries of the Middle East, 2013. Emerging Infectious Diseases 2014; 20:560–572.

[26]. Moallin ASM, Zessin KH Outbreak of camel contagious ecthyma in central Somalia. Tropical Animal Health and Production 1988; 20:185–186.

[27]. Khan AS, Maupin GO, Rollin PE, Noor AM, Shurie HH, Shalabi AG, Wasef S, Haddad YM, Sadek R, Ijaz K, Peters CJ, Ksiazek TG An outbreak of crimean-congo hemorrhagic fever in the United Arab Emirates, 1994–1995. American Journal of Tropical Medicine and Hygiene 1997; 57:519–525.

[28]. Al-Moslih MI, Perkins H, Hu Y-W Genetic relationship of Torque Teno virus TTV between humans and camels in United Arab Emirates UAE. Journal of Medical Virology 2007; 79:188–191.

[29]. Bazargani TT, Nikjou D, Tafty A, Varshovi HR, Niasari-Naslaji A A regional outbreak of contagious camel echtyma in
Iran. Journal of Camel Practice and Research 2010; 17:221–224.

[30]. Carletti F Alkhurma hemorrhagic fever in travelers returning from Egypt, Emerging Infectious Diseases 2010.

[31]. Ghosh S, Gatheru Z, Nyangao J, Adachi N, Urushibara N, Kobayashi N Full genomic analysis of a G8P [1] rotavirus strain isolated from an asymptomatic infant in Kenya provides evidence for an artiodactyl-to-human interspecies transmission event. Journal of Medical Virology 2012; 83:367–376.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

[32]. Horton KC, Wasfy M, Samaha H, Abdel-Rahman B, Safwat S, Abdel Fadeel M, Mohareb E, Dueger E Serosurvey for zoonotic viral and bacterial pathogens among slaughtered livestock in Egypt. Vector Borne and Zoonotic Diseases 2014; 14:633–639.

[33]. Jere KC, Esona MD, Ali YH, Peenze I, Roy S, Bowen MD, Saeed IK, Khalafalla AI, Nyaga MM, Mphahlele J, Steele D, Seheri ML Novel NSP1 genotype characterised in an African camel G8P [11] rotavirus strain. Infection, Genetics and Evolution 2014;21:58–66.

[34]. Champour M, Chinikar S, Mohammadi G, Razmi G, Shah-Hosseini N, Khakifirouz S, Mostafavi E, Jalali T epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus detected from ticks of one humped camel Camelus dromedaries' population in northeastern Iran. Journal of Parasitic Diseases 2016; 40:110–115.

[35]. Walker PJ, Widen SG, Wood TG, Guzman H, Tesh RB, Vasilakis N A global genomic characterization of nairoviruses identifies nine discrete genogroups with distinctive structural characteristics and Host-Vector Associations. American Journal of Tropical Medicine and Hygiene. 2016; 94:1107–1122.

[36]. Burt FJ, Spencer DC, Leman PA, Patterson B, Swanepoel R. Investigation of tick-borne viruses as pathogens of humans in South Africa and evidence of Dugbe virus infection in a patient with prolonged thrombocytopenia. Epidemiology and infection. 1996;116(3):353-361. doi:10.1017/s0950268800052687

[37]. Zouaghi K, Bouattour A, Aounallah H, et al. First Serological Evidence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus and Rift Valley Fever Virus in Ruminants in Tunisia. Pathogens (Basel, Switzerland). 2021;10(6):769. doi:10.3390/pathogens10060769

[38]. Lutomiah J, Musila L, Makio A, et al. Ticks and tick-borne viruses from livestock hosts in arid and semiarid regions of the eastern and northeastern parts of Kenya. Journal of Medical Entomology. 2014;51(1):269-77. doi:10.1603/me13039

[39]. Sang R, Onyango C, Gachoya J, et al. Tickborne arbovirus surveillance in market livestock, Nairobi, Kenya. Emerging infectious diseases. 2006;12(7):1074-1080. doi:10.3201/eid1207.060253

[40]. Crabtree MB, Sang R, Miller BR. Kupe virus, a new virus in the family bunyaviridae, genus nairovirus, kenya. Emerging infectious diseases. 2009;15(2):147-154. doi:10.3201/eid1502.080851

[41]. Salem E, Cook EAJ, Lbacha HA, et al. Serologic Evidence for Influenza C and D Virus among Ruminants and Camelids, Africa, 1991-2015. Emerging infectious diseases. 2017;23(9):1556-1559. doi:10.3201/eid2309.170342

[42]. Blancou J. Ecology and epidemiology of fox rabies. Review of Infectious Diseases. 1988;10(4), S606–S609.

[43]. Hyun BH, Lee KK, Kim IJ, et al. Molecular epidemiology of rabies virus isolates from South Korea. Virus Research. Dec 2005;114(1-2):113-25. doi: 10.1016/j.virusres.2005.06.004

[44]. Sacramento D, Badrane H, Bourhy H, Tordo N. Molecular epidemiology of rabies virus in France: comparison with vaccine strains. Journal of General Virology. May 1992;73 (Pt 5):1149-58. doi:10.1099/0022-1317-73-5-1149

[45]. Nigg AJ, Walker PL. Overview, prevention, and treatment of rabies. Pharmacotherapy. Oct 2009;29(10):1182-95. doi:10.1592/phco.29.10.1182

[46]. Abdelmalik I. Khalafalla and Yahia H. Ali. Rabies Virus Infection in Livestock May 3rd 2021.10.5772/intechopen.98228

[47]. Chaurasia, R. Rabies review. European Journal of Biomedical and Pharmaceutical Sciences. 2014;1(2):281–310.

[48]. Abbas B, Omer O. Review of infectious disease of the camel. Veterinary Bulletin. 01/01 2005; 75:1N-16N.

[49]. Fassi-Fehri M. Diseases of camels. Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics). 1987;6(2):337–354.

[50]. Wernery U, Kaaden OR. Infectious diseases in camelids. Tokyo, Japan: Georg Thieme Verlag 2002.

[51]. Alireza G, Ahmad F, Firouzeh F. Rabies in Iran: Past, Present and Future. Journal of Medical Microbiology and Infectious Diseases. 2014;2(1):1–10.

[52]. Farahtaj F, Fayaz A, Howaizi N, Biglari P, Gholami A. Human rabies in Iran. Tropical Doctor. 2014/10/01 2014;44(4):226-229. doi:10.1177/0049475514528174

[53]. Janani AR, Fayaz A, Simani S, et al. Epidemiology and control of rabies in Iran. Dev Biol (Basel). 2008; 131:207-11

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

[54]. Simani S, Gholami A, Farahtaj F, Fayaz A, Yousefi Behzadi M. Epidemiological survey of different rabies virus strains in Iran. article. Journal of sciences Islamic Republic of Iran. 2001;12(4):315-319.

[55]. Esameili H, Ghasemi E, Ebrahimzadeh H. An outbreak of camel rabies in Iran. Journal of Camel Practice and Research. 09/17 2012; 19:19-20.

[56]. Simani S. Rabies situation in Iran. Journal of Veterinary Medicine\Faculty. University of Tehran. 2003;58(3), 275–278.

[57]. Janani, A, Fayaz, A, Simani, S, Farahtaj, F, Eslami, N, Howaizi, N,Sabetghadam, M. Epidemiology and control of rabies in Iran. *Developments in Biologicals*, (2007) ;*131*, 207–211.

[58]. Bokaei S, Fayaz A, Pourmahdi Boroujeni M, Haghdoust AA, Zou Alfaghari MR, Esfandiari B. Epidemiological study of rabies and animal bites in caspian sea ittoral provinces. article. scientific-research Iranian veterinary journal. 2009;4(5 (22)):5-14.

[59]. Moghaddas E. Mogghadass E. Comprehensive guide for camel disease. Tehran, Nilubarg 2012.

[60]. Balamurugan V, Venkatesan G, Bhanuprakash V, Singh RK. Camelpox, an emerging orthopox viral disease. Indian journal of virology: an official organ of Indian Virological Society. 2013;24(3):295-305. doi:10.1007/s13337-013-0145-0

[61]. Prabhu M, Yogisharadhya R, Pavulraj S, Suresh C, Sathish G, Singh R. Camelpox and buffalopox: Two emerging and re-emerging orthopox viral diseases of India. Advances in Animal an Veterinary Sciences, *3*(10), 527–541. https ://doi.org/10.14737/ journal.aavs/2015/3.10.527.541

[62]. Wernery U, Kaaden O, Ali M. Orthopox virus infections in dromedary camels in United Arab Emirates (UAE) during winter season. Journal of Camel Practice and Research. 1997;4(1):51–55.

[63]. Bhanuprakash, V, Prabhu, M, Venkatesan, G, Balamurugan, V, Hosamani, M., Pathak, K. M., & Singh, R. K. (2010). Camelpox: Epidemiology, diagnosis and control measures. Expert Review of Anti-infective Therapy, *8*(10), 1187–1201. https ://doi.org/10.1586/ eri.10.105

[64]. Shchelkunov, S.N. An increasing danger of zoonotic orthopoxvirus infections. PLoS Pathog. 2013, 9, 4. [CrossRef]

[65]. Bera B, Shanmugasundaram K, Barua S,Venkatesan G, Virmani N, Riyesh T, Gulati B, Bhanuprakash V, Vaid R, Kakker N, et al. Zoonotic cases of camelpox infection in India. Vet. Microbiol.2011, 152, 29–38. [CrossRef]

[66]. Manimuthu P, Revanaiah Y, Pavulraj S, Suresh C, Sathish G, Singh R. Camelpox and Buffalopox: Two Emerging and Re-emerging Orthopox Viral Diseases of India. Advances in Animal and Veterinary Sciences. 01/01 2015; 3:527-541. doi: 10.14737/journal.aavs/2015/3.10.527.541

[67]. Rashidi. Report of occurrence camel pox disease in camel herd of Zarand city of the Kerman province. 2nd Conventional of Iranian Veterinary Clinicians, Tehran. Persian 1993.

[68]. Mosadeghhesari M, Oryan A, Zibaee S, Varshovi HR. Molecular investigation and cultivation of camelpox virus in Iran. Archives of virology. Nov 2014;159(11):3005-11. doi:10.1007/s00705-014-2169-1

[69]. Higgins EA. Epidemiology and control of camel pox in Bahrain. The First International Camel Confernce, Dubai 1992.

[70]. Bhanuprakash V, Prabhu M, Venkatesan G, et al. Camelpox: epidemiology, diagnosis and control measures. Expert Review of Anti-infective Therapy. Oct 2010;8(10):1187-201. doi:10.1586/eri.10.105

[71]. Khalafalla AI, El-Dirdiri GA. Laboratory and field investigation of live attenuated and inactivated camelpox vaccines. Camel Practice and Research. 2003;10(2):191–200.

[72]. Gonzalez Gompf S. Middle east respiratory syndrome coronavirus infection (MERS-CoV Infection). Medicinenet 2015.

[73]. Ramadan N, Shaib H. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV): A review. Germs, 2019;9(1):35–42.

[74]. Mackay IM, Arden KE. MERS coronavirus: Diagnostics, epidemiology, and transmission. Virology Journal, 2015;12(1):1.

[75]. Azhar EI, El-Kafrawy SA, Farraj SA, et al. Evidence for camel-to-human transmission of MERS coronavirus. The New England Journal of Medicine. Jun 26 2014;370(26):2499-505. doi:10.1056/NEJMoa1401505

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

[76]. Khalaj, M. (2014b). Infection with coronavirus in camels. Retrieved from http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewrepo rt/Review?page_refer =MapFu llEve ntRep ort&repor txml:id=16411
[77]. Hemida MG, Chu DK, Poon LL, et al. MERS coronavirus in dromedary camel herd, Saudi Arabia. Emerging infectious diseases. Jul 2014;20(7):1231-4. doi:10.3201/eid2007.140571
[78]. Muller M.A, Corman V, Jores J, Meyer B, Younan M, Liljander A, Bornstein S. MERS coronavirus neutralizing antibodies in camels, Eastern Africa, 1983–1997. Emerg. Infect. Dis. 2014, 20, 2093–2095.
[79]. Moniri A, Marjani M, Tabarsi P, Yadegarynia D, Nadji SA. Health Care Associated Middle East Respiratory Syndrome (MERS): A Case from Iran. Tanaffos. 2015;14(4):262-267.
[80]. Tavakoli A, Karbalaie Niya MH, Keshavarz M, Safarnezhad Tameshke F, Monavari SH. Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV). Iranian Journal of Medical Microbiology. 2017;11(1):1-8.
[81]. Khalili Bagaloy H, Sakhaee E, Khalili M. Detection of pancoronavirus using PCR in Camelus dromedarius in Iran (first report). Comp Clin Path. 2017;26(1):193-196. doi:10.1007/s00580-016-2368-0
[82]. Fajs L, Jakupi X, Ahmeti S, Humolli I, Dedushaj I, Avšič-Županc T. Molecular Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Kosovo. PLOS Neglected Tropical Diseases. 2014;8(1):e2647. doi: 10.1371/journal.pntd.0002647
[83]. Shayan S, Bokaean M, Shahrivar MR, Chinikar S. Crimean- Congo hemorrhagic fever. Laboratory Medicine, 2015;46(3):180-189.
[84]. Schwarz TF, Nsanze H, Longson M, et al. Polymerase chain reaction for diagnosis and identification of distinct variants of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in the United Arab Emirates. Am J Trop Med Hyg. Aug 1996;55(2):190-6. doi:10.4269/ajtmh.1996.55.190
[85]. Aslam S, Latif MS, Daud M, et al. Crimean-Congo hemorrhagic fever: Risk factors and control measures for the infection abatement. Biomedical reports. 2016;4(1):15-20. doi:10.3892/br.2015.545
[86]. Soares-Weiser K, Thomas S, G GT, Garner P. Ribavirin for Crimean-Congo hemorrhagic fever: systematic review and meta-analysis. BMC Infectious Diseases. 2010/07/13 2010;10(1):207. doi:10.1186/1471-2334-10-207
[87]. Shahhosseini N, Wong G, Babuadze G, et al. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Asia, Africa and Europe. Microorganisms. 2021;9(9):1907. doi:10.3390/microorganisms9091907
[88]. Mariner JC, Morrill J, Ksiazek TG. Antibodies to hemorrhagic fever viruses in domestic livestock in Niger: Rift Valley fever and Crimean-Congo hemorrhagic fever. Am J Trop Med Hyg. Sep 1995;53(3):217-21. doi:10.4269/ajtmh.1995.53.217
[89]. Chinikar S, Ghiasi SM, Naddaf S, et al. Serological evaluation of Crimean-Congo hemorrhagic fever in humans with high-risk professions living in enzootic regions of Isfahan province of Iran and genetic analysis of circulating strains. Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, NY). 2012;12(9):733-738. doi:10.1089/vbz.2011.0634
[90]. Telmadarraiy Z, Chinikar S, Vatandoost H, Faghihi F, Hosseini Chegeni A. vectors of crimean congo hemorrhagic fever virus in Iran. article. journal of arthropod-borne diseases. 2015;9(2):137-147.
[91]. Saidi S, Casals J, Faghih MA. Crimean hemorrhagic fever-Congo (CHF-C) virus antibodies in man, and in domestic and small mammals, in Iran. Am J Trop Med Hyg. Mar 1975;24(2):353-7. doi:10.4269/ajtmh.1975.24.353
[92]. Champour M, Chinikar S, Mohammadi G, et al. Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the One-Humped Camel (Camelus dromedarius) in East and Northeast of Iran. Journal of arthropod-borne diseases. 2016;10(2):168-177.
[93]. Engering A, Hogerwerf L, Slingenbergh J. Pathogen–host–environment interplay and disease emergence. Emerging Microbes & Infections. 2013;2: e5–e5.
[94]. World Health Organization Middle East respiratory syndrome coronavirus MERS-CoV Summary of current situation, literature update and risk assessment—21 July 2017, Geneva: WHO
[95]. Ikegami T, Makino S. The pathogenesis of Rift Valley fever. Viruses.2011;3:493–519.
[96]. Mertens M, Schmidt K, Ozkul A, Groschup MH. The impact of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus on public health. Antiviral Research. 2013; 98:248–260.
[97]. World Health Organization. Clinical management of patients with viral haemorrhagic fever: a pocket guide for front-line health workers: interim emergency guidance for country adaption, Geneva: WHO;(2016)
[98]. Carletti F. Alkhurma hemorrhagic fever in travelers returning from Egypt, 2010. Emerging Infectious Diseases.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

[99]. Akakpo A, Teˆko-Agbo A, Kone´ P. The impact of brucellosis on the economy and public health in Africa. In: Compendium of technical items presented to the OIE World Assembly of Delegates or to OIE Regional Commissions. 2010:71–84.

[100]. Muloi D, Alarcon P, Ombui J, Ngeiywa KJ, Abdullahi B, Muinde. P, Karani MK, Rushton J, Fe`vre EM. Value chain analysis and sanitary risks of the camel milk system supplying Nairobi city, Kenya. Preventive Veterinary Medicine. 2018; 159:203–210.

[101]. Gwida MM, El-Gohary AH, Melzer F, Tomaso H, Rosler U, Wernery U, Wernery R, Elschner MC, Khan I, Eickhoff M, Schoner D, Neubauer H. Comparison of diagnostic tests for the detection of *Brucella* spp. in camel sera. BMC Res Notes. 2011; 4:525.

[102]. Haddaway NR, Collins AM, Coughlin D, Kirk S. The role of google scholar in evidence reviews and its applicability to grey literature searching. PLOS ONE. 2015;10: e0138237.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]

"This journal is following of Committee on Publication Ethics (COPE) and complies with the highest ethical standards in accordance with ethical laws".

Review Article

A review of zoonotic viral pathogens in dromedary camels (*Camelus dromedarius*)

Mahsa Rezvan[1*], Elaheh Miranzadeh[1]

1. Doctor of Veterinary Medicine, Faculty of Veterinary Medicine, Shahrekord Branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.

***Corresponding author: mahsarezvan@yahoo.com**

Received: 2021/11/9 Accepted: 2022/02/21

Abstract

Dromedary, or one-humped camel Camelus dromedarius, is an almost exclusively domesticated species, common in arid areas as both beasts of burden and production animals for meat and milk. Approximately 30 million dromedary camels have the highest numbers in Africa and the Middle East. The hardiness of camels in arid regions has made humans more dependent on them, especially as a stable protein source. Camels also carry and may transmit disease-causing agents to humans and other animals. The ability of camels to act as a point source or vector for the disease is a concern due to increasing human demands for meat, lack of biosafety and biosecurity protocols in many regions, and growth in the interface with wildlife, where camel herds become sympatric with non-domestic species. We conducted a literature review of camel-borne zoonotic diseases and found that most publications (65%) focused on the Middle East respiratory syndrome (MERS) and Rift Valley fever. The high mortality from MERS outbreaks from 2012 to 2016 elicited an immediate response from the research community, as demonstrated by a surge of MERS-related publications. However, we contend that other camel-borne diseases such as Crimean–Congo hemorrhagic fever are essential to include in surveillance efforts. Camel populations, particularly in sub-Saharan Africa, are increasing exponentially in response to prolonged droughts, and thus, the risk of zoonoses increases as well. This review provides an overview of the major zoonotic diseases present in dromedary camels, their risk to humans, and recommendations to minimize spillover events.

Keywords: Dromedary camel, Viral pathogen, Spillover, Zoonoses.

How to cite this article: : Rezvan M, Miranzadeh E. A review of zoonotic viral pathogens in dromedary camels (*Camelus dromedarius*). Journal of Zoonosis. 2022; 1 (2): 59-76.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-01-30]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1400.1.2.3.3]