

اثر متغیرهای محیطی بر وقوع و گسترش بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک در استان مرکزی

اقدس شریفات^۱، محمودرضا همایی^{۲*}، رسول خسروی^۳ و آریتا رضوانی^۴

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۷/۲۸؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۰/۰۶)

چکیده

شیوع چند باره طاعون نشخوارکنندگان کوچک (PPR) طی ده سال گذشته در ایران با اثرات ویران‌کننده‌ای بر جمعیت‌های بز وحشی، گوسپند وحشی، و نشخوارکنندگان کوچک اهلی همراه بوده است. پژوهش حاضر با هدف پیش‌بینی گستره‌ی احتمالی وقوع و شیوع بیماری، شناسایی عوامل محیطی و سیمای سرزمین مؤثر بر گسترش آن و شناسایی مسیرهای انتقال بیماری توسط میزبانان وحشی در استان مرکزی انجام شد. با استفاده از مدل بی‌نظمی بیشینه، ارزیابی احتمال رخداد طاعون نشخوارکنندگان کوچک یکبار برای دام و حیات‌وحش به صورت جداگانه و همچنین، برای هر دو گروه به‌طور همزمان انجام گرفت. تئوری مدارالکتریکی نیز به منظور شناسایی مسیرهای جابه‌جایی و انتقال بیماری از طریق میزبان‌های وحشی و وروس طاعون نشخوارکنندگان کوچک مورد استفاده قرار گرفت. شاخص عملکرد مدل به ترتیب در مدل‌های اجرا شده با داده‌های وقوع بیماری در دام، حیات‌وحش و دام-حیات وحش ۰/۷۲۷، ۰/۹۹۷ و ۰/۸۴۹ محاسبه گردید. بارش مرطوب‌ترین ماه مهم‌ترین متغیر تأثیرگذار بر شیوع بیماری در استان مرکزی شناسایی شد. مسیرهای بالقوه مهاجرتی گوسپند وحشی حاصل از تئوری مدارالکتریکی منطبق بر مناطق دارای احتمال زیاد وقوع بیماری بود. نتایج مطالعه حاضر می‌تواند در توسعه روش‌های مدیریتی مؤثر بر پیشگیری از شیوع این بیماری کشنده در حیات وحش کشور مؤثر باشد.

واژه‌های کلیدی: پیوستگی سیمای سرزمین، بیماری‌های حیات‌وحش، بی‌نظمی بیشینه، مدل‌سازی پراکنش، نشخوارکنندگان وحشی

۱. دانش‌آموخته رشته محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه صنعتی اصفهان.

۲. دانشیار دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه صنعتی اصفهان

۳. استادیار بخش مهندسی منابع طبیعی و محیط زیست، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز

۴. دانشجوی دکتری محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه صنعتی اصفهان

*: مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mrhemami@iut.ac.ir

مقدمه

بیماری‌های حیات وحش و مدیریت آن از چالش‌های مهم در حفاظت تنوع زیستی در سطح جهان است (۴۷). شواهد موجود حاکی از آن است که تخریب و تغییر زیستگاه‌های طبیعی منجر به افزایش بیماری‌های مشترک میان دام و حیات وحش می‌گردد (۱۸). نرخ غیرعادی و رو به رشد بیماری‌های عفونی در جمعیت‌های حیات وحش، تنوع بیماری‌های عفونی، و احتمال افزایش شیوع این بیماری‌ها در آینده، باعث افزایش نگرانی درمورد نقش این بیماری‌ها در انقراض گونه‌ها شده است (۴۴). با توجه به پیامدهای چشمگیر بیماری‌های عفونی در فرآیند حفاظت حیات وحش، بوم‌شناسان این دسته از بیماری‌ها را به عنوان یکی از پنج عامل اصلی انقراض جهانی گونه‌ها ذکر کرده‌اند (۴۸). نظریه‌ی اپیدمیولوژیک بیان می‌کند که بیماری‌های عفونی تنها در موارد خاص و اغلب در مواقعی که اندازه‌ی جمعیت میزبان کوچک باشد و یا عامل بیماری عفونی بتواند در محیط غیرزنده به بقای خود ادامه دهد منجر به انقراض گونه‌ها می‌شوند (۴۴). از جمله پیامدهای همه‌گیری بیماری‌های عفونی می‌توان به انقراض محلی جمعیت‌ها، کاهش پویایی جامعه، تغییر و یا کاهش محدوده پراکنش گونه‌های میزبان (۴۴)، زوال تنوع زیستی، تأثیر منفی بر سلامت انسان، دام و حیات وحش، و تحمیل هزینه‌های هنگفت بر صنعت اشاره نمود (۲۳).

ویروس‌ها عمده عوامل بیماری‌زایی هستند که باعث شیوع بیماری در حیات وحش به‌ویژه نشخوارکنندگان وحشی می‌شوند (۲۴). ویروس طاعون نشخوارکنندگان کوچک (PPRV: Peste des Petits Ruminants Virus) (متعلق به جنس *Morbillivirus* از خانواده *Paramyxoviridae*) از جمله مهمترین ویروس‌هایی است که موجب بیماری نشخوارکنندگان می‌شود (۴، ۲۴ و ۳۴). اگرچه پژوهش‌ها نشان می‌دهند گوسپند و بز اهلی میزبانان اصلی PPRV هستند، اما گزارش‌های اندکی از شیوع این بیماری در شتر، گاو، بوفالو و خوک نیز به ثبت رسیده است (۵). در بین گونه‌های وحشی نیز گونه‌های متعددی از اعضای خانواده گاوسانان از جمله جنس *Gazella spp*، بوش‌باک (*Tragelaphus*)

scriptus)، ایمپالا (*Aepyceros melampus*)، جنس *Cephalophus*، گوسپند وحشی (*Ovis gmelini*) و شوکا (*Capra aegagrus*) به عنوان گونه‌های حساس به ویروس طاعون نشخوارکنندگان کوچک معرفی شده‌اند (۱۹ و ۲۴ و ۳۴). به دلیل اثرات سهمگین بیماری بر سلامت و تولیدمثل نشخوارکنندگان کوچک و کاهش درآمد کشاورزان، بیماری PPR تهدیدی برای امنیت غذایی و مانعی برای رشد اقتصادی محسوب می‌شود. این امر معیشت میلیون‌ها خانوار، به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه که اکثریت جمعیت محروم همچنان به دام وابسته است را تضعیف می‌کند (۹). همچنین، به دلیل جابجایی کنترل نشده حیوانات بین کشورهای همسایه آلوده به ویروس PPR، کنترل بیماری به یک اولویت جهانی تبدیل شده است (۴۰).

اولین گزارش از طاعون نشخوارکنندگان کوچک در سال ۱۹۴۲ در ساحل عاج در غرب آفریقا منتشر شد. پس از آن گزارش‌های بیشتری از شیوع بیماری در کشورهای مجاور این کشور به ثبت رسید. از سال ۱۹۹۳ شبه جزیره عربستان، خاورمیانه و بخش‌های وسیعی از شبه قاره هند رخدادهای بزرگی از بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک را گزارش کرده‌اند (۱۱). ویروس این بیماری همچنان در سراسر مناطقی که قبلاً تحت تأثیر قرار نگرفته‌اند در حال گسترش است.

در ایران شیوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک، نخستین بار در سال ۱۹۹۵ در استان ایلام به ثبت رسید (۱۲). شیوع چند باره بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک طی ده سال گذشته در ایران و کشورهای همسایه با اثرات ویران‌کننده در جمعیت بز وحشی و گوسپند وحشی همراه بوده است. همچنین، گزارش‌های مبنی بر چندین شیوع مرگ بار این بیماری در نشخوارکنندگان کوچک اهلی به‌ویژه در بخش‌های غربی، شمالی، و مرکزی ایران وجود دارد که خسارت‌های اقتصادی زیادی را به دامداران وارد کرده است (۲۴).

بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک از طریق تماس مستقیم بین دام اهلی آلوده نظیر جمعیت‌های محلی و کوچ‌رو

شناسایی مسیرهای محتمل انتشار بیماری توسط گوسپند و بز وحشی به عنوان مهمترین عوامل انتقال این بیماری پرداخته شد.

مواد و روش‌ها

منطقه مورد مطالعه

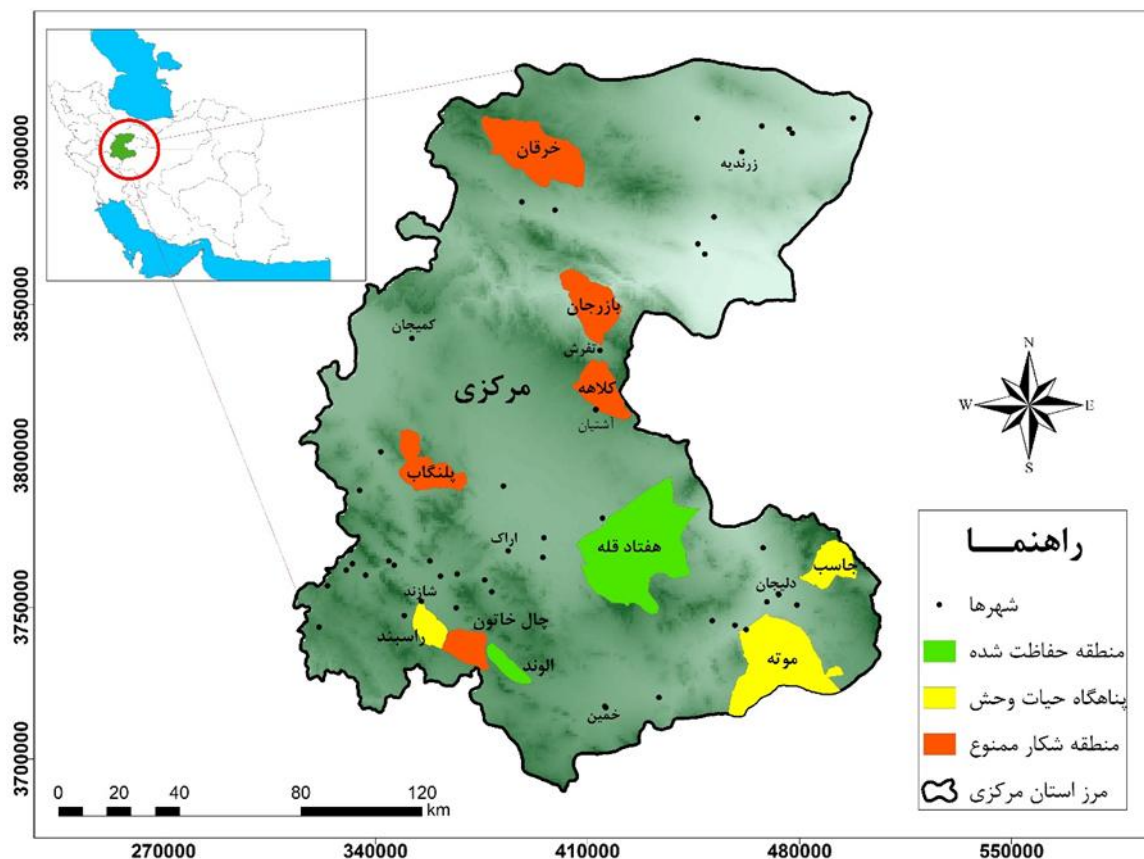
منطقه مورد مطالعه شامل بخش‌های مرکزی فلات ایران، واقع در استان مرکزی بین دو رشته کوه البرز و زاگرس است (شکل ۱). این منطقه دارای اقلیم گرم و خشک است و از مناطق خشک و گرم با کوهستان‌های پراکنده با مساحتی بیش از ۲۹۰۰۰ کیلومتر مربع تشکیل شده است. مناطق تحت حفاظت در این بخش از کشور شامل پناهگاه حیات وحش جاسب و راسبند، بخش شمالی پناهگاه حیات وحش موته، منطقه حفاظت شده هفتاد قله و بخش‌های جنوبی منطقه حفاظت شده پلنگ دره و الوند است که جمعیت قابل توجهی از نشخوارکنندگان کوچک همچون آهوی ایرانی (*Gazella subgutturosa*)، بز وحشی (*Capra aegagrus*)، و گوسپند وحشی (*Ovis gmelini*) را در خود جای داده است (۴۲).

نقاط حضور

داده‌های وقوع بیماری که معرف کانون‌های شیوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک در دام اهلی و یا نشخوارکنندگان وحشی بودند طی سال‌های ۱۳۹۰ تا ۱۳۹۶ از طریق سازمان دامپزشکی کل کشور (داده‌های مربوط به دام اهلی) و مشاهدات مستقیم محیط‌بانان و کارشناسان اداره‌های حفاظت محیط زیست (داده‌های مربوط به نشخوارکنندگان وحشی) از پناهگاه حیات وحش جاسب و راسبند، پناهگاه حیات وحش موته، منطقه حفاظت شده هفتاد قله و منطقه حفاظت شده پلنگ دره و الوند تهیه گردید. تمامی نقاط وقوع بیماری در دام و حیات وحش به تأیید سازمان دامپزشکی کشور رسید. به منظور مشخص نمودن زیستگاه‌های مطلوب گوسپند وحشی به عنوان عامل انتقال دهنده بیماری، از مدل‌سازی مطلوبیت زیستگاه استفاده شد. نقاط حضور گوسپند وحشی

به نشخوارکنندگان وحشی منتقل می‌شود (۲ و ۵). علاوه بر این، حیوانات آلوده مهاجر وحشی ممکن است این ویروس را به سایر جمعیت‌ها و گونه‌ها انتقال دهند (۵). ترشحات چشم، بینی، دهان و اسهال حیوان آلوده می‌تواند مقادیر زیادی از ویروس را شامل شوند. علاوه بر تماس نزدیک به عنوان مهمترین شیوه انتقال بیماری، ذرات عفونی ممکن است آب، غذا و آب‌شخور را نیز آلوده کنند و آنها را به منابع جدید عفونت تبدیل نمایند (۱۵ و ۴۶). از این رو، عوامل مؤثر بر انتقال بیماری‌های عفونی بین حیوانات وحشی و اهلی به یک موضوع مهم مطالعاتی تبدیل شده است (۳۱). هم‌پوشی چراگاه‌های دام اهلی و نشخوارکنندگان وحشی می‌تواند سبب گسترش ویروس بین جمعیت‌های اهلی و وحشی شود (۱۹).

مدل‌های پراکنش گونه‌ای (SDMs: Species distribution models) از رایج‌ترین ابزارها به منظور ارزیابی و کمی نمودن تغییرات رخ داده در محدوده پراکنش گونه‌ها محسوب می‌شوند (۱۳). امروزه مدل‌های پراکنش گونه‌ای به طور فزاینده‌ای در مدیریت مؤثر گونه‌های حیات وحش، زیستگاه‌های طبیعی و سیمای سرزمین برای اهداف مختلف مورد استفاده قرار می‌گیرند. برای نمونه، پیش‌بینی پراکنش گونه‌ها (۱۷)، اولویت‌بندی زیستگاه‌های مهم و کریدورهای مهاجرتی (۲۶) و پیش‌بینی پیامدهای تغییر اقلیم بر پراکنش جغرافیایی گونه‌ها (۳۶)، شناسایی مناطق داغ تعارض بین انسان و حیات وحش (۳۰)، پیش‌بینی پراکنش گونه‌های مهاجم (۲۲)، تعیین عوامل بالقوه و تأثیر گذار بر شیوع بیماری‌های حیات وحش (۱۶)، و ارزیابی اثرات عوامل انسانی و طبیعی بر جریان ژن (۳) از جمله مهمترین کاربردهای مدل‌های پیش‌بینی پراکنش در مباحث حفاظت از تنوع زیستی به شمار می‌روند. هدف از این پژوهش، بررسی تأثیر عوامل اقلیمی، بوم‌شناختی و انسانی بر پراکنش و گسترش بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک اهلی و وحشی با استفاده از ابزار مدل‌سازی پراکنش گونه‌ای است. همچنین، با توجه به اهمیت جابجایی‌های حیوانات آلوده در گسترش بیماری، از رویکرد پیوستگی سیمای سرزمین برای



شکل ۱. نقشه محدوده مورد مطالعه

روستایی، شهرها و زمین‌های کشاورزی از نقشه پوشش/کاربری اراضی تهیه شده توسط سازمان جنگل‌ها، مراتع و آبخیزداری کشور (www.frw.ir) استخراج گردید. برای تهیه متغیرهای پیوسته از پارامترهای استخراج شده، از تابع فاصله‌ی اقلیدسی (Euclidean Distance)، در نرم افزار ArcMap 10.4.1 استفاده شد. برای تهیه نقشه چشمه‌ها (منابع آبی)، به عنوان یکی از متغیرهای احتمالی مؤثر بر احتمال وقوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک، مختصات جغرافیایی منابع آبی (چشمه‌ها و آبشخورهای انسان ساخت) از طریق عملیات میدانی در محدوده مناطق تحت حفاظت و همچنین، پایگاه داده اداره کل حفاظت محیط زیست استان مرکزی، سازمان آب منطقه‌ای استان مرکزی و سایت دفتر مطالعات پایه منابع آب (<http://wrbs.wrm.ir>) تهیه شد. لایه پیوسته فاصله از منابع آبی

که توسط محیط‌بانان مناطق تحت حفاظت استان در سال ۱۳۹۶ ثبت شده بود از اداره کل حفاظت محیط زیست استان مرکزی دریافت شد در مجموع ۱۸ کانون شیوع بیماری در دام اهلی، ۳۰ نقطه وقوع بیماری در گوسپند وحشی و بز وحشی و ۹۴ نقطه حضور برای گوسپند وحشی تهیه و در مراحل مختلف مدل‌سازی مورد استفاده قرار گرفت.

متغیرهای پیش‌بینی کننده

با توجه به بوم‌شناسی گونه‌های میزبان ویروس طاعون نشخوارکنندگان کوچک و با در نظر گرفتن عوامل مؤثر بر شیوع بیماری، متغیرهای پیش‌بینی کننده در سه گروه اقلیمی، زیستگاهی و انسانی انتخاب شدند. لایه‌های مناطق کوهستانی، رودخانه‌ها، مراتع با تراکم پوشش گیاهی متوسط، مناطق

نقشه احتمال وقوع بیماری PPR در نشخوارکنندگان اهلی به عنوان یکی از متغیرهای مؤثر در شیوع این بیماری در حیات وحش استفاده شد. علاوه بر این، همه نقاط وقوع بیماری مربوط به هر دو گروه دام اهلی و نشخوارکنندگان وحشی یکبار به مدل وارد شد تا نقشه احتمال شیوع بیماری در همه نشخوارکنندگان (اهلی و وحشی) به دست آید.

مسیرهای جابه‌جایی بیماری

به منظور ارزیابی مسیرهای جابه‌جایی و انتشار بیماری بین جمعیت‌های نشخوارکنندگان وحشی در استان مرکزی از مفهوم تئوری مدار در نرم افزار Circuitscape 3.5.8 استفاده شد (۷). تئوری مدار، سلول‌های سیمای سرزمین را به عنوان گره‌های الکتریکی متصل شده توسط سلول‌ها به سلول‌های همسایه، با مقادیر مقاومت که توسط مقادیر مقاومت/رسانایی سیمای سرزمین تعیین می‌شود، متصل می‌کند. علاوه بر این، با استفاده از این روش مناطقی که شدت جریان زیاد بوده و مسیرهای جایگزین در دسترس نیست (Pinch points)، شناسایی می‌شود. نحوه اتصال پیکسل‌ها (گره‌ها) می‌تواند براساس میانگین مقاومت یا میانگین رسانایی بین آنها باشد (۳۲). از آنجا که لایه رستری زیستگاه به عنوان لایه مقاومت انتخاب شد، از میانگین مقاومت برای متصل نمودن پیکسل‌ها به یکدیگر استفاده گردید. در نهایت، برای محاسبه جریان الکتریکی از روش All_to_one استفاده شد. این روش حجم حافظه کمتری احتیاج دارد و الگوی ارتباطات در ناحیه را بر اساس شدت جریان الکتریکی بهتر نشان می‌دهد. مناطق حفاظت شده در این مطالعه به عنوان لکه‌های کانونی و مدل پراکنش گونه و احتمال رخداد بیماری به عنوان لایه مقاومت در نظر گرفته شد.

نتایج

مدل‌سازی احتمال وقوع طاعون نشخوارکنندگان کوچک در دام اهلی و نشخوارکنندگان وحشی
میزان شاخص ارزیابی مدل (AUC) برای مدل‌های اجرا شده

مشابه سایر لایه‌های زیستگاهی تهیه شد. دو متغیر ارتفاع و شیب با استفاده از مدل رقومی ارتفاع به عنوان مهمترین متغیرهای مؤثر بر ناهمگنی فیزیوگرافیک تهیه شد. به منظور در نظر گرفتن شاخص پوشش گیاهی در مدل از شاخص تفاوت پوشش گیاهی نرمال شده (NDVI) مستخرج شده از سنجنده MODIS ماهواره Tera استفاده شد. به این منظور میانگین سال‌های ۲۰۱۵ تا ۲۰۱۸ تصاویر ماهواره‌ای با قدرت تفکیک ۱۰۰۰ متر مورد استفاده قرار گرفت.

به منظور ارزیابی متغیرهای اقلیمی مؤثر بر پراکنش و گسترش بیماری، مقادیر ۱۹ متغیر اقلیمی از پایگاه داده Worldclim (با قدرت تفکیک نزدیک به یک کیلومتر) برای داده‌های حضور و شبه عدم حضور استخراج شد. (<http://www.worldclim.org>) درجه هم‌خطی بین متغیرهای زیست اقلیمی براساس شاخص تورم واریانس (VIF) و با استفاده از پکیج usdm (۴۵) محاسبه و متغیرهای با $VIF > 6$ از تحلیل‌ها حذف گردید. در نتیجه سه متغیر اقلیمی ایزوترمالی، میانگین دمای مرطوب‌ترین فصل، و بارش مرطوب‌ترین ماه برای مدل‌سازی مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۱).

اجرای مدل

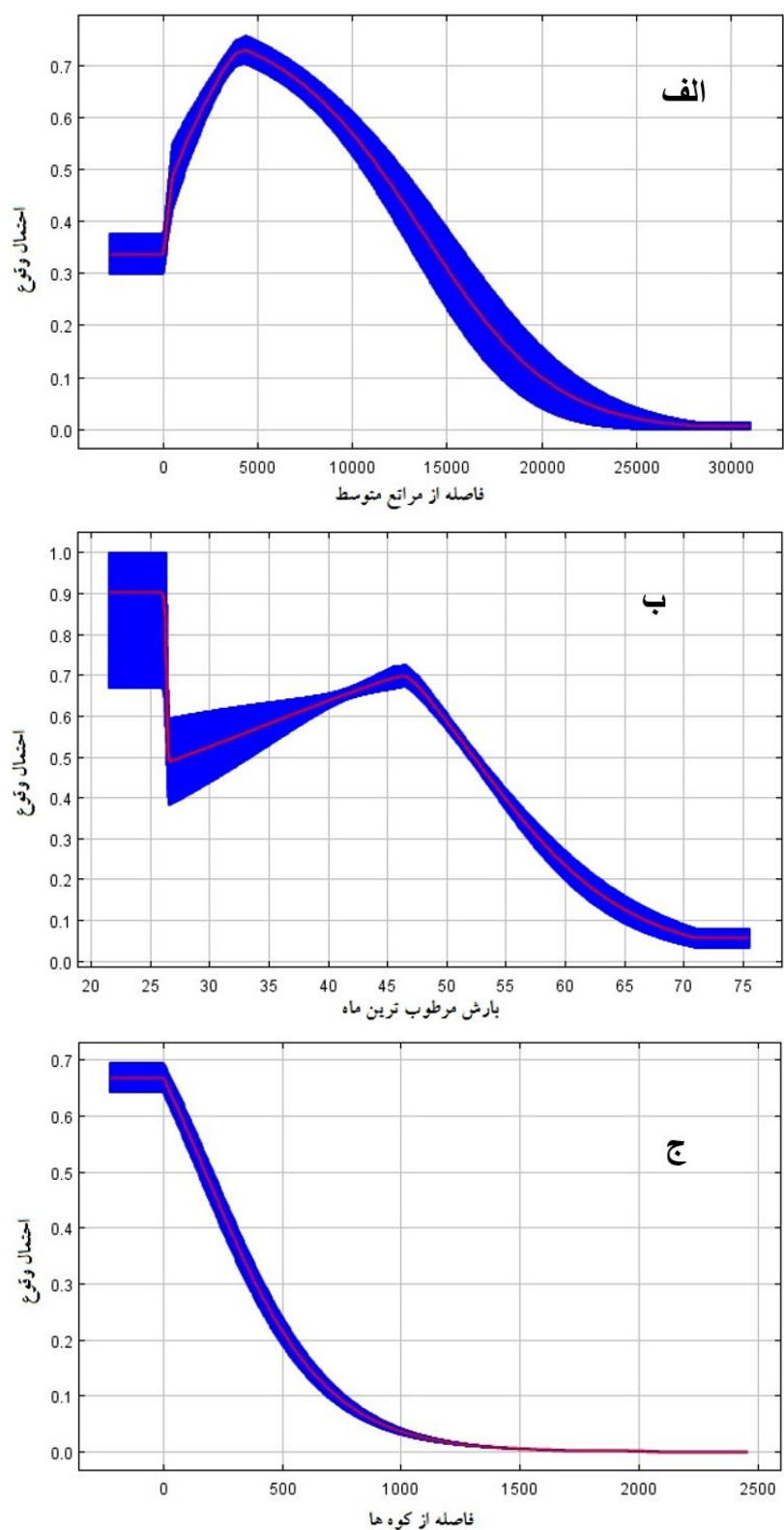
به منظور مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی و بررسی احتمال وقوع بیماری PPR، از مدل بی‌نظمی بیشینه (MaxEnt) استفاده شد. مدل با تنظیمات پیش فرض: حداکثر تکرار ۵۰۰، حداکثر تعداد نقاط پس زمینه ۱۰۰۰۰، آستانه همپوشانی ۱۰ اجرا شد. ۷۵ درصد از داده‌ها به عنوان داده‌های آموزشی و ۲۵ درصد داده‌ها به منظور آزمون مدل در نظر گرفته شد. برای ارزیابی کارایی مدل، از معیار مساحت زیر منحنی ROC (Receiver operating characteristic) AUC (Area Under the Curve) استفاده شد. میزان AUC در مدل کامل برابر با یک است و AUC با مقدار ۰/۵ و کمتر از آن به این معنی است که مدل بهتر از حالت تصادفی عمل نمی‌کند (۱۰). با توجه به این که وقوع بیماری در نشخوارکنندگان اهلی، خود تهدیدی برای وابستگان وحشی آنها محسوب می‌شود، از

جدول ۱. متغیرهای پیش‌بینی کننده در مدل‌سازی احتمال وقوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک.

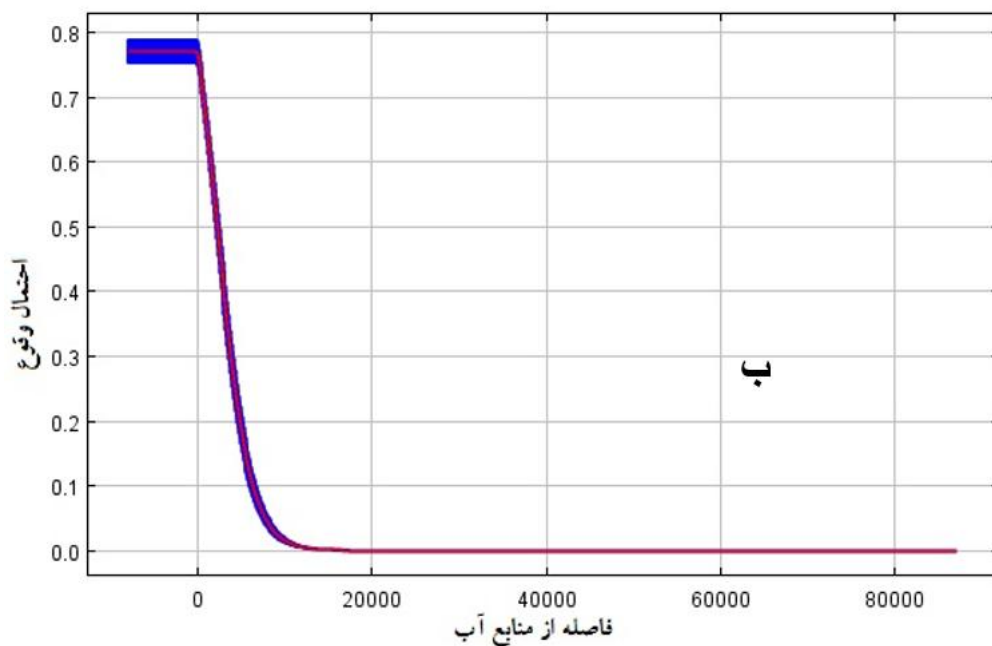
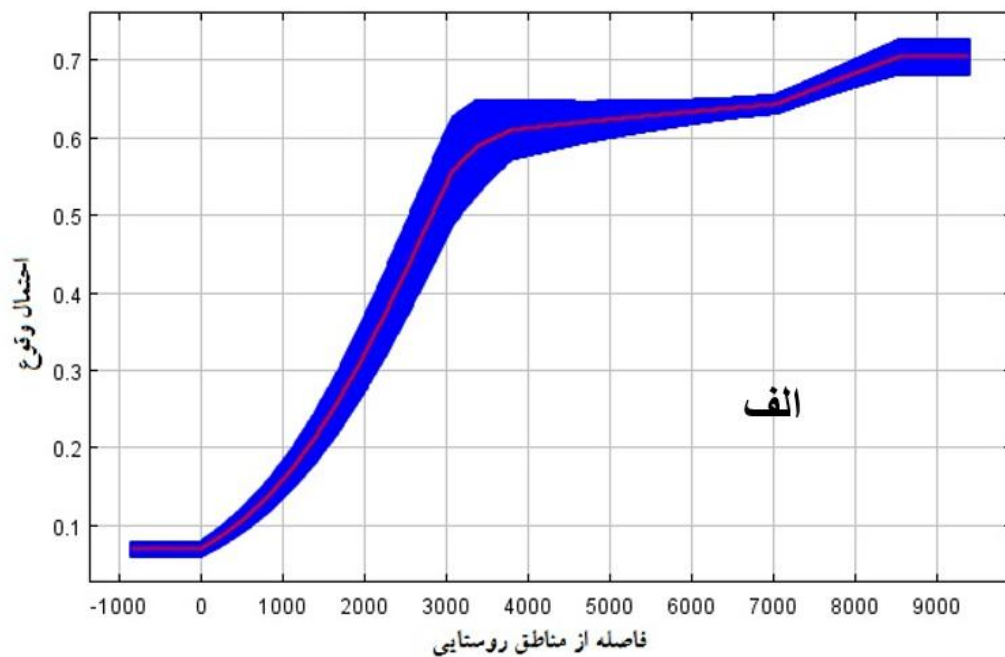
مرحله مدل‌سازی	منبع	لایه
- مدل‌سازی مناطق محتمل برای وقوع بیماری PPR در دام، حیات وحش، دام-حیات وحش - مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی - مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی	پایگاه داده Worldclim با قدرت تفکیک نزدیک به ۱۰۰۰ متر http://www.worldclim.org/ http://srtm.csi.cgiar.org با دقت ۱۰۰ متر	ایزوترمالی (Bio3) میانگین دمای مرطوب‌ترین فصل (Bio8) بارش مرطوب‌ترین ماه (Bio13) مدل ارتفاع توپوگرافی شیب (برحسب درصد)
- مدل‌سازی مناطق محتمل برای وقوع بیماری PPR در حیات وحش - مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی - مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی - مدل‌سازی بیماری PPR در دام	استخراج شده از نقشه کاربری اراضی تهیه شده از سازمان جنگل‌ها، مراتع و ابخیزداری کشور با مقیاس ۱/۵۰۰۰۰	فاصله از روستاها فاصله از شهرها فاصله از کوه‌ها فاصله از زمین‌های کشاورزی فاصله از مناطق با درجه متوسط پوشش گیاهی
- مدل‌سازی مناطق محتمل برای وقوع بیماری PPR در حیات وحش، دام-حیات وحش - مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی - مدل‌سازی مناطق محتمل برای وقوع بیماری PPR در حیات وحش و دام-حیات وحش		فاصله از منابع آبی (چشمه‌ها و آبشخورهای انسان ساخت) فاصله از رودخانه‌ها
- مدل‌سازی مناطق محتمل برای وقوع بیماری PPR در حیات وحش - مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی	تصاویر ماهواره‌ای سنجده مادیس با قدرت تفکیک ۱۰۰۰ متر	شاخص نرمال شده تفاوت پوشش گیاهی

معکوس نشان داد (شکل ۲). در مدل اجرا شده با استفاده از داده‌های وقوع بیماری در حیات وحش، احتمال وقوع بیماری با افزایش فاصله از مناطق روستایی کاهش، ولی با افزایش فاصله از منابع آبی (آبشخورهای طبیعی و انسان ساخت) افزایش می‌یافت (شکل ۳). میزان مشارکت نسبی متغیرهای نام برده به ترتیب ۳/۴۸٪ و ۴/۳۷٪ بود. در مدل اجرا شده با استفاده از داده‌های وقوع بیماری در هر دو گروه دام‌های اهلی و حیات وحش فاصله از منابع آبی در جایگاه اول (میزان مشارکت نسبی: ۵۹٪) و متغیر بارش مرطوب‌ترین ماه (میزان

با استفاده از داده‌های وقوع بیماری در دام، حیات وحش، و دام-حیات وحش به ترتیب ۷۲۷/۰، ۹۹۷/۰ و ۸۴۹/۰ برآورد شد که نشان از کارایی خوب مدل‌های اجرا شده در پیش‌بینی وقوع بیماری بود. فاصله از مراتع با تراکم پوشش گیاهی متوسط، بارش مرطوب‌ترین ماه و فاصله از مناطق کوهستانی مهمترین متغیرهای تأثیر گذار در مدل اجرا شده با استفاده از تنها نقاط بیماری در دام‌های اهلی بود. میزان مشارکت نسبی متغیرها به ترتیب برابر با ۲/۳۴، ۳/۲۸ و ۴/۱۹ بود. احتمال وقوع بیماری در دام با میزان بارندگی در فصول مرطوب رابطه



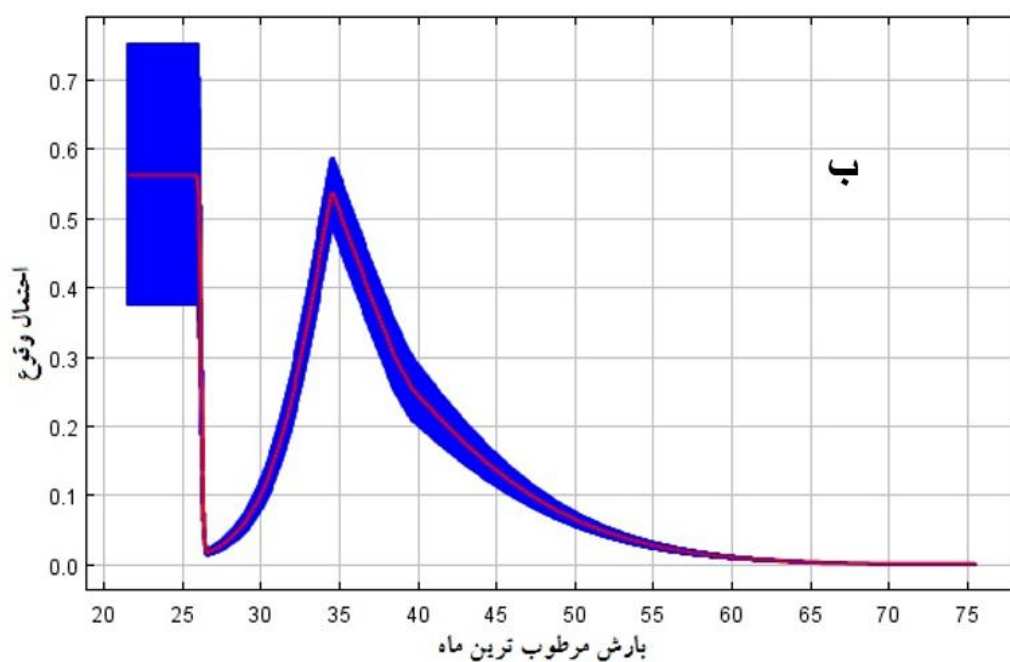
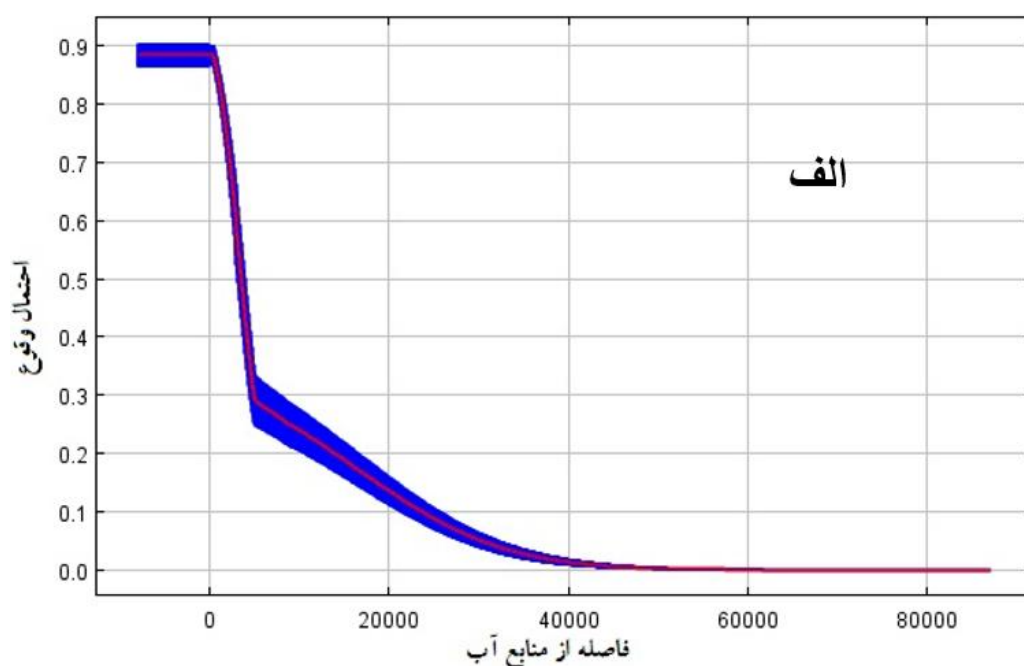
شکل ۲. مهم ترین متغیرهای مؤثر بر احتمال وقوع بیماری در دام به ترتیب اهمیت شامل: (الف) فاصله از مراتع (بر حسب متر)، (ب) بارش مرطوب ترین ماه (بر حسب میلی متر)، (ج) فاصله از مناطق کوهستانی (بر حسب متر).



شکل ۳. مهم‌ترین متغیرهای مؤثر بر احتمال وقوع بیماری در حیات وحش. به ترتیب اهمیت شامل: (الف) فاصله از مناطق روستایی (بر حسب متر) و (ب) فاصله از منابع آب، به‌طور ویژه آبشخورهای طبیعی و انسان ساخت (بر حسب متر).

قسمتی از جنوب شرقی استان، در محدوده شهرستان دلیجان احتمال بسیار بالا و محدوده شهرستان‌های تفرش، فراهان، کمijan و ساوه احتمال متوسط تا بالا از وقوع بیماری PPR در دام‌های اهلی را نشان دادند (شکل ۶-الف). علاوه بر این،

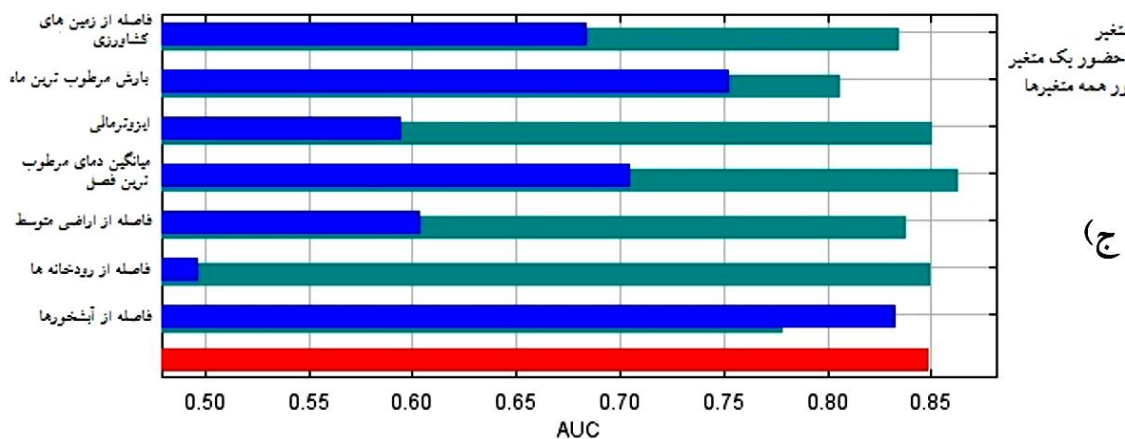
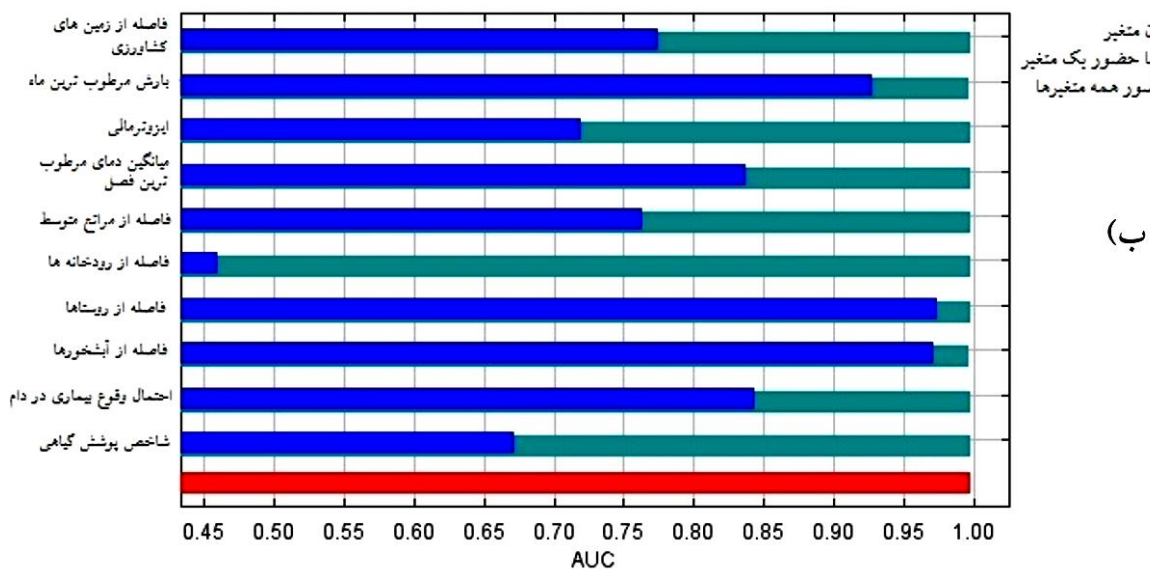
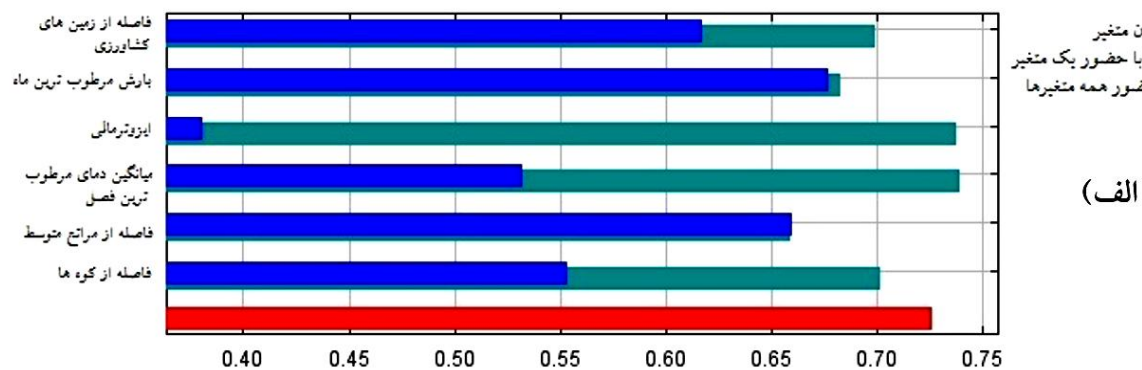
مشارکت نسبی: ۲۳/۹٪) در جایگاه دوم مهم‌ترین متغیرهای مؤثر بر احتمال وقوع بیماری قرار گرفتند (شکل ۴ و شکل ۵). بخش‌های جنوبی استان، در محدوده شهرستان خمین و



شکل ۴. مهم‌ترین متغیرهای مؤثر بر احتمال وقوع بیماری در دام و حیات وحش توامان. شامل: (الف) فاصله از منابع آبی (بر حسب متر) و (ب) بارش مرطوب‌ترین ماه (بر حسب متر).

حیات وحش بود (شکل ۶-ب). با در نظر گرفتن وقوع همزمان بیماری در دام و حیات وحش (شکل ۶-ج) احتمال شیوع بیماری در سایر بخش‌های منطقه حفاظت شده هفتاد

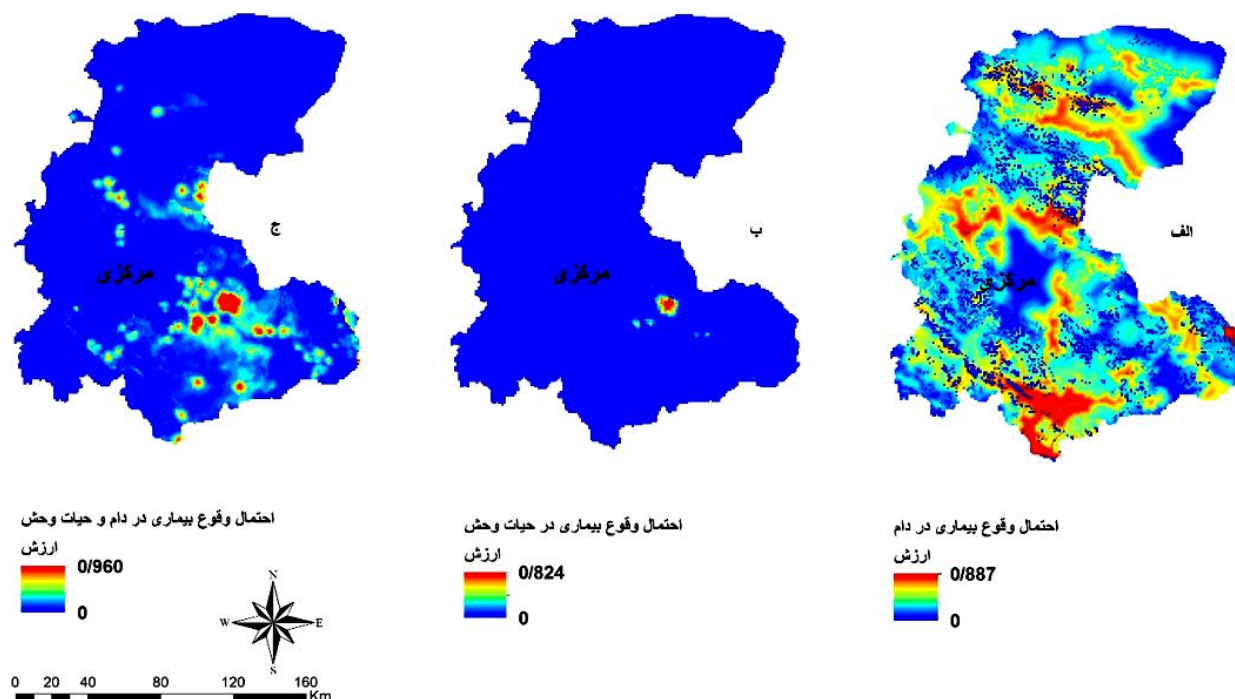
بر اساس پیش‌بینی مدل اجرا شده با استفاده از تنها نقاط وقوع بیماری در حیات وحش، بخشی از منطقه حفاظت شده هفتاد قله دارای بالاترین میزان احتمال شیوع بیماری در



شکل ۵. نتایج آزمون جک نایف برای بررسی اهمیت هر یک از متغیرها در مدل‌سازی احتمال وقوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک (الف)

در دام، (ب) حیات وحش و (ج) دام و حیات وحش توانان. نام‌های اختصاری استفاده شده در مدل‌سازی عبارتند از:

agri: فاصله از زمین‌های کشاورزی، dwater: فاصله از آبشخورهای طبیعی و مصنوعی، driver: فاصله از رودخانه‌ها، dmoodrange: فاصله از مراتع با درجه متوسط پوشش گیاهی، dvillages: فاصله از روستاها، dmountain: فاصله از کوه‌ها، bio3: ایزوترمالی، bio8: میانگین دمای مرطوب‌ترین فصل، bio13: بارش مرطوب‌ترین ماه، ndvi: شاخص پوشش گیاهی، livestock_avg: نتیجه مدل‌سازی احتمال وقوع بیماری در دام.



شکل ۶. نقشه احتمال وقوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک (الف) در دام، (ب) حیات وحش و (ج) دام و حیات وحش

جنوب و جنوب غربی استان حداکثر احتمال برای جابجایی‌های فصلی این گونه را دارد (شکل ۸). حداکثر شدت جریان در سراسر ناحیه در این بخش متمرکز شده است که به شکل نواری ناپیوسته در جهت جنوب شرقی-جنوب غربی پیش‌بینی شده است که دلیل آن می‌تواند مقاومت کم (حداکثر رسانایی) سلول‌ها در این ناحیه باشد.

بحث و نتیجه‌گیری

کمبود اطلاعات در مورد تأثیر عوامل محیطی بر شیوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک و نحوه انتقال این بیماری از دام به حیات وحش مدیریت این بیماری را دشوار ساخته است. این مسئله در سال‌های اخیر منجر به تلفات قابل توجه در جمعیت‌های گوسپند وحشی و بز وحشی در کشور شده است. آگاهی از عوامل مؤثر بر شیوع بیماری و همچنین، نقاط محتمل برای رخداد طاعون نشخوارکنندگان کوچک می‌تواند تأثیر بسزایی بر موفقیت اقدامات پیشگیرانه از شیوع بیماری داشته باشد. از این رو در مطالعه حاضر کاربرد مدل‌های پراکنش

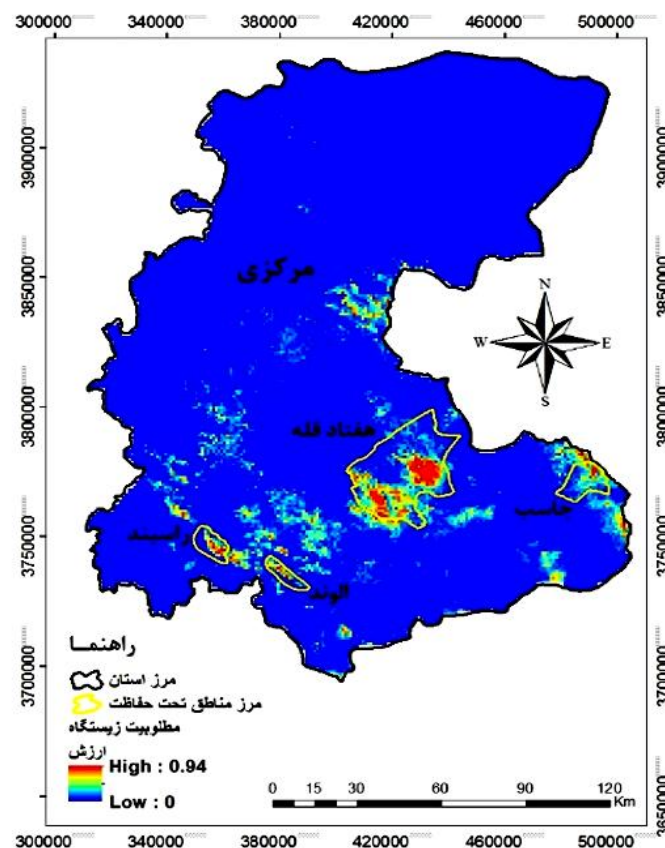
قله، همچنین، در دیگر مناطق تحت حفاظت افزایش نشان داد.

مدل‌سازی پراکنش گوسپند وحشی

اجرای مدل در محدوده مورد مطالعه نشان داد که بیشترین مناطق مطلوب در محدوده منطقه حفاظت شده هفتاد قله و پس از آن منطقه حفاظت شده الوند، پناهگاه حیات وحش راسبند و بخش شمالی پناهگاه حیات وحش جاسب قرار دارند. مناطق حد فاصل منطقه حفاظت شده هفتاد قله و منطقه حفاظت شده الوند، مابین منطقه حفاظت شده هفتاد قله و پناهگاه حیات وحش راسبند، بین منطقه حفاظت شده الوند و پناهگاه حیات وحش راسبند مطلوبیت به نسبت مناسبی را نشان داد (شکل ۷). مساحت مناطق مطلوب در مجموع حدود ۴۵۶ کیلومتر مربع برآورد شد. مدل بی‌نظمی بیشینه همچنین، قادر به پیش‌بینی منطقه شکار ممنوع کلاسه به عنوان زیستگاه مطلوب، علی‌رغم عدم وجود داده حضور از این منطقه بود.

مدل‌سازی جابجایی میزبان ویروس طاعون نشخوارکنندگان کوچک

بر اساس الگوی توزیع شدت جریان، بخش جنوب شرقی،



شکل ۷. نقشه پیش‌بینی پراکنش گوسپند وحشی در استان مرکزی. مناطق با مطلوبیت بالا به رنگ قرمز و مناطقی که احتمال حضور گونه کم است با رنگ آبی مشخص شده است. محدوده مناطق تحت حفاظت با زرد رنگ نمایش داده شده است.

نشخوارکنندگان کوچک در این مطالعه نیز تأیید کننده موفقیت این مدل‌ها در پیش‌بینی وقوع بیماری بود. یافته‌های این پژوهش بیانگر تأثیر به نسبت زیاد متغیرهای بارندگی در مرطوب‌ترین فصل، فاصله تا مناطق روستایی، و فاصله تا منابع آبی بر وقوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک به ترتیب در مدل‌های مبتنی بر داده‌های دام، حیات وحش، و دام-حیات وحش بود. میزان بارندگی مرطوب‌ترین فصل همبستگی منفی با شیوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک در دام اهلی نشان داد که این یافته موافق نتایج به‌دست آمده از مطالعه طاعون نشخوارکنندگان کوچک و پویایی شیوع این بیماری در سودان است (۵). اگر چه در برخی دیگر از پژوهش‌ها بارش خشک‌ترین ماه سال به عنوان مهمترین متغیر محیطی تأثیر گذار بر شیوع این بیماری در دام‌های اهلی معرف

گونه‌ای برای ارزیابی متغیرهای مؤثر بر وقوع بیماری در حیات وحش و شناسایی مناطق مستعد برای شیوع بیماری در مناطق مرکزی ایران بررسی شد. اولین گام در ارزیابی فرآیند شیوع بیماری‌ها در حیات وحش، آگاهی از بوم‌شناسی گونه‌های میزبان و یا ناقلین بیماری، پراکنش و مطلوبیت زیستگاه‌های آنها است (۴۳). رویکرد مدل‌سازی مطلوبیت زیستگاه، کاربرد گسترده‌ای در پیش‌بینی پراکنش گونه‌های ناقل و میزبان بیماری‌ها دارند. رویکرد مدل‌سازی مطلوبیت زیستگاه در پیش‌بینی پراکنش گونه‌های ناقل بیماری (۳۹)، پیش‌بینی مناطق دارای ریسک بالای شیوع بیماری (۳۸)، بررسی پیامدهای تغییر اقلیم بر شیوع بیماری‌ها (۲۱)، و ارزیابی عوامل مؤثر بر شیوع بیماری‌ها مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۱۶ و ۴۳). پیش‌بینی مناطق احتمالی برای رخداد بیماری طاعون

شده است (۲۹)، اما به نظر می‌رسد که ارتباط معنی داری بین میزان رطوبت نسبی محیط و وقوع بیماری وجود دارد (۱۶، ۲۸ و ۳۵).

بر خلاف نتایج به دست آمده در این مطالعه، پژوهش انجام شده توسط کائو و همکاران (۱۶) نشان می‌دهد که ویروس PPR در محیط‌های مرطوب برای مدت زمان طولانی‌تری توانایی زنده ماندن دارد و بارندگی می‌تواند ریسک شیوع بیماری را افزایش دهد. اگرچه باید در نظر داشت که تأثیر متغیرهای اقلیمی بر شیوع بیماری معمولاً با یک تأخیر زمانی رخ می‌دهد (۲۷) و همین موضوع می‌تواند تفاوت در نتایج به دست آمده در مطالعه حاضر با مطالعه کائو و همکاران (۱۶) را توجیه نماید.

علاوه بر این، همبستگی مثبت به دست آمده در این مطالعه بین میانگین دمای مرطوب‌ترین فصل و احتمال رخداد بیماری PPR با نتایج مطالعه کائو و همکاران (۱۶) در چین مطابقت داشت. در مجموع به نظر می‌رسد که با کاهش میزان بارندگی و افزایش دما در بخش‌های جنوب و جنوب شرقی استان مرکزی، به دلیل کاهش علوفه در دسترس دام، تماس بین حیات وحش و دام و در نتیجه احتمال استفاده از چراگاه‌های مشترک (شامل استفاده غیرمجاز دام از مناطق تحت حفاظت) افزایش می‌یابد که منجر به انتقال بیماری از دام به حیات وحش و بالعکس می‌شود.

متغیرهای فاصله از روستاها و فاصله از منابع آبی به ترتیب مهمترین متغیرهای مؤثر در شیوع بیماری در حیات وحش تعیین شدند. احتمال شیوع بیماری در حیات وحش با افزایش فاصله از روستاها افزایش و با افزایش فاصله از منابع آبی کاهش می‌یابد. با افزایش فاصله از روستاها تعداد آبشخورهای مصنوعی در چراگاه‌های حیات وحش (مناطق تحت حفاظت) افزایش می‌یابد و استفاده غیرمجاز دام از مناطق تحت حفاظت باعث آلودگی بستر و آبشخورها می‌شود و به این ترتیب، منابع آبی به مخازن انتقال بیماری بین دام و حیات وحش تبدیل می‌گردند (۵). احتمال بالای وقوع طاعون نشخوارکنندگان

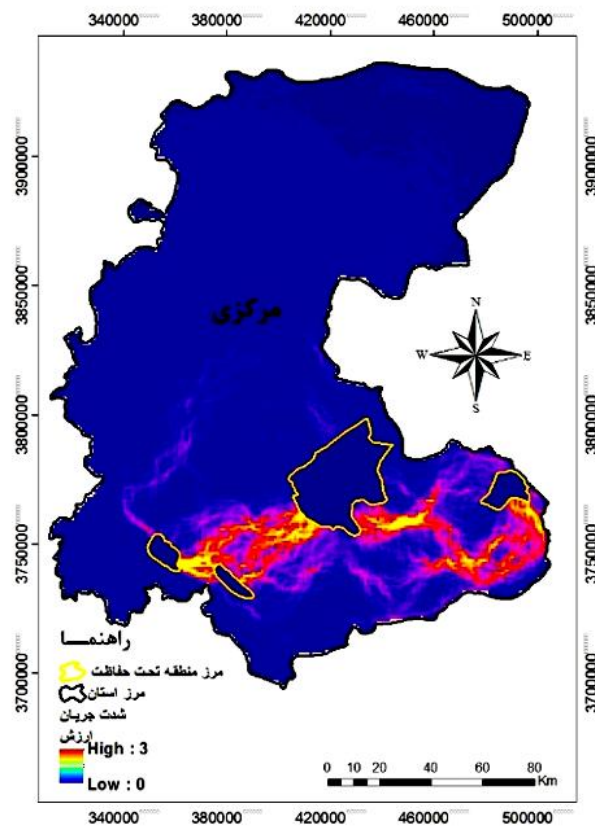
کوچک در منطقه حفاظت شده هفتاد قله (شکل ۶) را می‌توان به دلیل تراکم بیشتر آبشخورهای انسان ساخت در این منطقه نسبت به سایر مناطق در نظر گرفت. به نظر می‌رسد اهمیت آبشخورها به عنوان نقاط داغ انتقال دهنده بیماری در فصل خشک افزایش می‌یابد.

متغیر فاصله از منابع آبی مهم‌ترین عامل مؤثر بر شیوع بیماری در حیات وحش و دام-حیات وحش تعیین شد. دو متغیر فاصله از مناطق روستایی و فاصله از منابع آبی در مدل‌های اجرا شده با استفاده از داده‌های وقوع بیماری در حیات وحش و همچنین، دام-حیات وحش مورد استفاده قرار گرفتند، در حالی که این دو متغیر در مدل سازی احتمال وقوع بیماری در مدل اجرا شده تنها با استفاده از داده‌های رخداد بیماری در دام مشارکت نداشتند. به نظر می‌رسد به دلیل عدم مشارکت این دو متغیر در مدل‌سازی احتمال وقوع بیماری در دام-حیات وحش غالب مناطق دارای احتمال وقوع بیماری در دام که منطبق بر نواحی روستایی هستند، در این نقشه پیش‌بینی نشده‌اند.

مقایسه نتایج مدار الکتریکی (شکل ۸) با نقشه احتمال وقوع بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک در دام-حیات وحش (شکل ۶-ج) نشان می‌دهد که حداکثر جریان (مسیرهای بالقوه‌ی مهاجرت گوسپند وحشی) با آن بخش از منطقه که دارای احتمال وقوع بالای بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک است، منطبق است.

با توجه به نتایج به دست آمده به نظر می‌رسد مدل‌های مطلوبیت زیستگاه در پیش‌بینی احتمال وقوع بیماری در زمان کمبود داده می‌توانند کمک کننده باشند. مدل‌های پیوستگی زیستگاه نیز می‌توانند به شناسایی مسیرهای احتمالی جابجایی میزبان‌های اصلی بیماری کمک کنند و بنابراین برای برنامه‌های نظارت و کنترل بیماری مفید واقع شوند.

اگرچه نتایج به دست آمده تأییدی بر کارایی مدل‌ها در پیش‌بینی احتمال رخداد بیماری می‌باشد، اما به نظر می‌رسد استفاده از متغیرهای محیطی دیگر همچون مسیرهای کوچ



شکل ۸. نقشه شدت جریان (مسیرهای بالقوه مهاجرت گوسپند وحشی) با استفاده از خروجی مدل MaxEnt. رنگ زرد حداکثر شدت جریان و در نتیجه حداکثر احتمال جابجایی گونه و رنگ بنفش حداکثر مقاومت را نشان می‌دهد. محدوده مناطق تحت حفاظت (گره‌ها) با رنگ زرد نمایش داده شده است.

و مواد معدنی به دلیل رقابت با دام می‌تواند سیستم ایمنی و در نتیجه مقاومت این گونه‌ها را در برابر عوامل بیماری‌زا کاهش دهد (۲۵). علاوه بر این، تغییرات اقلیمی و تأثیر آن بر مطلوبیت زیستگاه گونه‌های جانوری ممکن است سبب سرعت بخشیدن به کاهش منابع در دسترس گونه‌های وحشی و همچنین، افزایش رقابت این گونه‌ها با حیوانات اهلی شود که مجموع این عوامل می‌تواند سبب افزایش احتمال شیوع بیماری‌ها در گونه‌های وحشی شود.

تجربه موفقیت آمیز ریشه کن شدن بیماری طاعون گاوی در سال ۲۰۱۱، منجر به توسعه برنامه راهبردی کنترل و ریشه کنی بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک (PPR-GCES) توسط سازمان جهانی بهداشت حیوانات (OIE) و سازمان خواروبار و کشاورزی (FAO) در سال ۲۰۱۵ شد. هدف این برنامه از بین

عشایر و لایه تراکم دام در مدل‌ها می‌تواند بر دقت نتایج به دست آمده تأثیر گذار باشد. علاوه بر این، متغیرهای زیست‌شناختی گونه‌های جانوری نیز می‌تواند بر افزایش درستی نتایج مدل‌های پیش‌بینی پراکنش تأثیر گذار باشد. برای نمونه، پژوهش‌های اخیر نشان می‌دهند که با افزایش سن حیوانات احتمال وقوع بیماری در گونه‌های جانوری افزایش می‌یابد (۱) و (۱۶). جابجایی‌های دام شاید مهمترین عامل انتقال و شیوع بیماری میان نشخوارکنندگان اهلی و وحشی باشد. بنابراین، بدون دسترسی به این اطلاعات توسعه مدل‌های پیش‌بینی کننده نقاط داغ شیوع بیماری امکان‌پذیر نیست.

افزایش تراکم دام در مراتع فقیر منجر به افزایش فشار بر علفخواران همبوم وحشی از طریق رقابت می‌شود (۱۴). محدود شدن دسترسی علفخواران وحشی به منابع غذایی با کیفیت، آب

نزدیک حیات وحش و دام به واسطه استفاده از چراگاه‌های مشترک، برنامه‌های واکسیناسیون دوره‌ای در نشخوارکنندگان اهلی به منظور مصون ماندن حیات وحش از ابتلا به بیماری انجام شود. همچنین، پیشنهاد می‌شود در مناطق تحت حفاظت آب‌شخورها حتی المقدور در مناطق مشترک بین دام و حیات وحش و مناطق حاشیه‌ای احداث نگردند و در فصولی که احتمال شیوع بیماری مشترک بین دام و حیات وحش بیشتر است کنترل بیشتری توسط سازمان حفاظت محیط زیست جهت عدم ورود دام اعمال گردد.

بردن بیماری PPR از طریق تشخیص بیماری، نظارت، پیشگیری، ایجاد یک چهارچوب قانونی از جمله خدمات دامپزشکی و مشارکت ذینفعان تا سال ۲۰۳۰ است (۹ و ۴۰). در راستای این برنامه راهبردی و با توجه به رخدادهای رو به رشد بیماری طاعون نشخوارکنندگان کوچک در جمعیت‌های وحشی گوسپند و بز وحشی در کشور در سال‌های اخیر، پیشنهاد می‌شود طرح‌ها و اقدامات حفاظتی سختگیرانه در ارتباط با مجوزهای چرای حیوانات در مراتع و جابجایی‌های دام انجام شود. همچنین، به دلیل نزدیکی زیستگاه‌های طبیعی گونه‌های نشخوارکننده وحشی با مناطق روستایی و تماس

منابع مورد استفاده

1. Abubakar, M., S.M. Jamal, M.J. Arshed, M. Hussain and Q. Ali. 2009. Peste des petits ruminants virus (PPRV) infection; its association with species, seasonal variations and geography. *Tropical animal health and production* 41(7): 1197-1202.
2. Abubakar, M., H. Ali Khan, M.J. Arshed, M. Hussain and Q. Ali. 2011. Peste des petits ruminants (PPR): Disease appraisal with global and Pakistan perspective. *Small Ruminant Research* 96(1): 1-10.
3. Adavodi, R., R. Khosravi, S.A. Cushman and M. Kaboli. 2019. Topographical features and forest cover influence landscape connectivity and gene flow of the *Caucasian pit viper*, *Gloydius caucasicus* (Nikolsky, 1916). in Iran. *Landscape Ecology* 34(11): 2615-2630.
4. Aguilar, X.F., M. Mahapatra, M. Begovoeva, G. Kalema-Zikusoka, M. Driciru, C. Ayebazibwe, D. Adwok, M. Kock, J.-P. Lukusa, J. Muro, I. Marco, A. Colom-Cadena, J. Espunyes, N. Meunier, O. Cabezon, A. Caron, A. Bataille, G. Libeau, K. Parekh, S. Parida and R. Kock. 2020. Peste des petits ruminants at the wildlife-livestock interface in the Northern Albertine Rift and Nile Basin, East Africa. *Viruses* 12(3): 293-311.
5. Ahmed, M. 2008. Peste des Petits Ruminants transmission and spreading dynamics in the Sudan. PhD thesis University of Khartoum. Khartoum, Sudan.
6. Anderson, M.C., J.M. Watts, J.E. Freilich, S.R. Yool, G.I. Wakefield, J.F. McCaalery and A. Fahnestock. 2000. Regression - tree modeling of desert tortoise habitat in central Mojave. *Ecological Applications* 10: 890-900.
7. Algeo, T. P., D. Slate, R.M. Caron, T. Atwood, S. Recuenco, M.J. Ducey, R.B. Chipman and M. Palace. 2017. Modeling Raccoon (*Procyon lotor*) Habitat Connectivity to Identify Potential Corridors for Rabies Spread. *Tropical Medicine and Infectious Diseases* 2(3): 44.
8. Ansari, A. 2017. Habitat evaluation for Persian *Gazelle* in the Southern half of Markazi province, Iran. *Journal of Wildlife and Biodiversity* 1(1): 19-23.
9. Bakkouri, A. 2017. Unfolding the global strategy for the control and eradication of Peste des Petits Ruminants (PPR) in Africa. Available online at: <https://www.oie.int/app/uploads/2021/03/2017-afr2-bakkouri-a.pdf>. Accessed 11 January 2022.
10. Baldwin, R.A. 2009. Use of maximum entropy modeling in wildlife research. *Entropy* 11: 854-866.
11. Banyard, A.C., S. Parida, C. Batten, C. Oura, O. Kwiatek and G. Libeau. 2010. Global distribution of peste des petits ruminants virus and prospects for improved diagnosis and control. *Journal of General Virology* 91(12): 2885-97.
12. Bazarghani, T. T., S. Charkhkar, J. Doroudi and E.B. Hassan. 2006. A review on Peste des petits ruminants (PPR) with special reference to PPR in Iran. *Journal of Veterinary Medicine Series B* 53: 8-17.
13. Bellard, C., C. Bertelsmeier, P. Leadley, W. Thuiller and F. Courchamp. 2012. Impacts of climate change on the future of biodiversity. *Ecology Letters* 15: 365-377.
14. Berger J, B. Buuveibaata and C. Mishra. 2013. Globalization of the cashmere market and the decline of large mammals in central Asia. *Conservation Biology* 27: 679-89.
15. Bundza, A., A. Afshar, T.W. Dukes, G.C. Dulac and S.A. Becker. 1988. Experimental peste des petits ruminants (goat plague) in goats and sheep. *Canadian Journal of Veterinary Research* 52(1): 46-52.

16. Cao, Z., Y. Jin, T. Shen, F. Xu and Y. Li. 2018. Risk factors and distribution for peste des petits ruminants (PPR) in Mainland China. *Small Ruminant Research* 162: 12–16.
17. Cushman, S. A., E.L. Landguth and C.H. Flather. 2013. Evaluating population connectivity for species of conservation concern in the American Great Plains. *Biodiversity and Conservation* 22: 2583–2605.
18. Daszak, P., A.A. Cunningham and A.D. Hyatt. 2000. Emerging infectious diseases of wildlife - threats to biodiversity and human health. *Science* 287: 443–449.
19. Ebrahimzadeh, H., H.S. Kafil and M. Asgharzadeh. 2016. Peste des petits ruminants (PPR): A Serious Threat for Wild Life. *Advances in Bioscience and Clinical Medicine* 4(2): 49–50.
20. Esfandabad, B.S., M. Karami, M. Hemami and M. Karami. 2010. Habitat associations of wild goat in central Iran: implications for conservation. *European Journal of Wildlife Research* 56: 883–894.
21. Estrada-Pena, A. and J. Venzal. 2007. Climate niches of tick species in the Mediterranean region: modeling of occurrence data, distributional constraints, and impact of climate change. *Journal of Medical Entomology* 44(6): 1130–1138.
22. Elith, J. 2017. Predicting distributions of invasive species. *Invasive species: Risk assessment and management*, Cambridge University Press, London, England.
23. Froese, J. 2017. Modelling seasonal habitat suitability and connectivity for feral pigs in northern Australia: towards risk-based management of infectious animal diseases with wildlife hosts. School of Agriculture and Food Sciences. PhD thesis. The University of Queensland. Brisbane, Australia.
24. Hemmatzadeh, F., W. Boardman, A. Alinejad, A. Hematzade and M.K. Moghadam. 2016. Molecular and serological survey of selected viruses in free-ranging wild ruminants in Iran. *PLOS ONE* 11(12): e0168756.
25. Jolles, A.E., B.R. Beechler and B. Dolan. 2015. Beyond mice and men: environmental change, immunity and infections in wild ungulates. *Parasite Immunology* 37: 255–66.
26. Kaszta, Z., S. Cushman, D. Macdonald. 2020. Prioritizing habitat core areas and corridors for a large carnivore across its range. *Animal Conservation* 23(5): 607–616.
27. Liu, Q., B. Kong, Y. L. Xiong and X. Xia. 2010. Antioxidant activity and functional properties of porcine plasma protein hydrolysate as influenced by the degree of hydrolysis. *Food Chemistry* 118: 403–410.
28. Ma, J., J. Xiao, H. Liu, X. Gao, H. Chen and H. Wang. 2017. Spatiotemporal pattern of peste des petits ruminants and its relationship with meteorological factors in China. *Preventive Veterinary Medicine* 147: 194–198.
29. Ma, J., X. Gao, B. Liu, H. Chen, J. Xiao and H. Wang. 2019. Peste des petits ruminants in China: Spatial risk analysis. *Transboundary and Emerging Diseases* 66(4): 1784–1788.
30. Maiorano, L., L. Chiaverini, M. Falco and P. Ciucci. 2019. Combining multi-state species distribution models, mortality estimates, and landscape connectivity to model potential species distribution for endangered species in human dominated landscapes. *Biological Conservation* 237: 19–27.
31. Martin, C., P. P. Pastoret, B. Brochier, M. F. Humblet and C. Saegerman. 2011. A survey of the transmission of infectious diseases/infections between wild and domestic ungulates in Europe. *Veterinary Research* 42(1). <https://doi.org/10.1186/1297-9716-42-70>.
32. McRae, B. H., B.G. Dickson, T.H. Keitt and V.B. Shah. 2008. Using circuit theory to model connectivity in ecology, evolution, and conservation. *Ecology* 89(10): 2712–2724.
33. Miller, R. S., M. L. Farnsworth and J. L. Malmberg. 2013. Diseases at the livestock-wildlife interface: status, challenges, and opportunities in the united states. *Preventive Veterinary Medicine* 110(2): 119–32.
34. Munir, M. 2014. Role of wild small ruminants in the Epidemiology of Peste des petits ruminants. *Transboundary and Emerging Diseases* 61: 411–424.
35. Niu B, R. Liang, G. Zhou, Q. Zhang, Q. Qu X Su and Q. Chen. 2021. Prediction for global Peste des Petits Ruminants Outbreaks based on a combination of Random Forest algorithms and meteorological data. *Frontiers in Veterinary Science* 7:570829. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.570829>.
36. Ofori, B. Y., A. J. Stow, J. B. Baumgartner and L. J. Beaumont. 2017. Influence of adaptive capacity on the outcome of climate change vulnerability assessment. *Scientific Reports* 7(1): 1–12.
37. Phillips, S.J., R.P. Anderson and R.E. Schapire. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modeling* 190: 231–259.
38. Pigott, D. M., N. Golding, A. Mylne, Z. Huang, A. J. Henry, D. J. Weiss, O. J. Brady, M. UG. Kraemer, D.L. Smith, C. L. Moyes, S. Bhatt, P.W. Gething, P. W. Gething, P. W. Horby, I. I. Bogoch, J. S. Brownstein, S. R. Mekaru, A. J. Tatem, K. Khan and S. I. Hay. 2014. Mapping the zoonotic niche of Ebola virus disease in Africa. *elife* 3: e04395.
39. Sallam, M. F., A. M. Al Ahmed, M.S. Abdel-Dayem and M. A. Abdullah. 2013. Ecological niche modeling and land cover risk areas for rift valley fever vector, *Culex tritaeniorhynchus* Giles in Jazan, Saudi Arabia. *PLOS ONE* 8(6): e65786.
40. Santhamani, R., R. P. Singh and F. Njeumi. 2016. Peste des petits ruminants diagnosis and diagnostic tools at a

- glance: perspectives on global control and eradication. *Archives of Virology* 161(11): 2953–2967.
41. Shahnasari, G., M.-R. Hemami, R. Khosravi, S. Malakoutikhah, M. Omid and S. A. Cushman. 2019. Contrasting use of habitat, landscape elements, and corridors by grey wolf and golden jackal in central Iran. *Landscape Ecology* 34(6):1263-1277.
42. Shams Esfandabad, B., M. Karami, M.-R. Hemami, B. Riazi and M.B. Sadough. 2010. Habitat associations of wild goat in central Iran: implications for conservation. *European Journal of Wildlife Research* (56): 883–894.
43. Simons, R. R., S. Croft, E. Rees, O. Tearne, M. E. Arnold, and N. Johnson. 2019. Using species distribution models to predict potential hot-spots for rift valley fever establishment in the United Kingdom. *PLOS ONE* 14(12): e0225250.
44. Smith, K. F., D.F. Sax and K. D. Lafferty. 2006. Evidence for the role of infectious disease in species extinction and endangerment. *Conservation Biology* 20(5): 1349–1357.
45. Sony RK, S. Sen, S. Kumar, M. Sen and K.M. Jayahari. 2018. Niche models inform the effects of climate change on the endangered Nilgiri Tahr (*Nilgiritragus hylocrius*) populations in the southern Western Ghats , India. *Ecological Engineering* 120: 355-363.
46. Taylor, W.P. 1984. The distribution and epidemiology of PPR. *Preventive Veterinary Medicine* 2: 157-166.
47. Vander Wal E., D. Garant, S. Calmé, C. A. Chapman, M. Festa-Bianchet, V. Millien, S. Rioux-Paquette and F. Pelletier. 2014. Applying evolutionary concepts to wildlife disease ecology and management. *Evolutionary Applications* 7: 856–868.
48. Wilcove, D., D. Rothstein, J. Dubow, A. Phillips and E. Losos. 1998. Quantifying Threats to Imperiled Species in the United States. *BioScience* 48(8):607-615.

The Effect of Environmental Factors on the Occurrence and Spread of Pest Des Petits Ruminants Disease in Markazi Province, Iran

A. Sharifat¹, M. R. Hemami^{2*}, R. Khosravi³ and A. Rezvani⁴

(Received: October 20-2021; Accepted: December 27-2021)

Abstract

The prevalence of the Pest des petits ruminants (PPR) over the past ten years in Iran has resulted in devastating effects on the wild goat (*Capra aegagrus*) and mouflon (*Ovis gmelini*) populations, as well as small domestic ruminants. The aim of this study was to identify areas with high risk of PPR outbreak, determine the environmental and landscape factors affecting the spread of the disease, and identify the transmission corridors of the disease through the wild hosts of PPR virus in Markazi province. The risk of occurrence of PPR was mapped once in livestock and wildlife separately and also jointly for both groups using maximum entropy model. An electrical circuit model was used to identify migration corridors and evaluate the transmission of disease through the wild hosts of the PPR virus. The model performance index was calculated 0.727 for livestock, 0.997 for wild ruminants, and 0.849 for both groups. The results showed that precipitation of the wettest month was the most important variable affecting the prevalence of PPR. Potential migration corridors of wild sheep matched the areas where the risk of PPR occurrence was high. The results of the present study can be operative in developing effective methods to prevent the spread of this fatal disease in the country's wildlife.

Keywords: Landscape connectivity, Wildlife disease, Maximum entropy, Distribution modeling, Wild ruminants

-
1. Master graduate, Department of Natural Resources, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
 2. Assoc. Prof, Department of Natural Resources, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
 3. Assis. Prof, Agriculture College - Department of Agricultural Extension and Education, Shiraz University, Shiraz, Iran.
 4. Ph.D student, Department of Natural Resources, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
- *: Corresponding Author, Email: mrhemami@iut.ac.ir