

تهیه نقشه پیش‌بینی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفولانزای پرنندگان با استفاده از منطق فازی

مصطفی عزیزخانی¹، میثم ارگانی²، فاطمه مافی³

1. کارشناس ارشد سیستم‌های اطلاعات مکانی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان
m.azizkhani@student.kgut.ac.ir

2. استادیار گروه سنجش از دور و GIS، دانشکده جغرافیا، دانشگاه تهران
argany@ut.ac.ir

3. کارشناس ارشد سیستم‌های اطلاعات مکانی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته کرمان
f.mafi@student.kgut.ac.ir

چکیده

شیوع ویروس آنفولانزای پرنندگان و انتقال آن به انسان‌ها یکی از دغدغه‌های اصلی پژوهشگران در سال‌های اخیر بوده است. شناخت مناطقی از کشور که از شیوع ویروس آسیب‌پذیرترند به کنترل و پیشگیری از شیوع ویروس در مراحل مختلف کمک زیادی خواهد کرد. بر اساس مطالعات انجام شده عوامل مؤثر اصلی بر شیوع ویروس مذکور عبارت‌اند از: نزدیکی به رودها، دریاچه‌ها، باتلاق‌ها، جمعیت، مراکز پرورش طیور، روستاها، بارندگی، دما و میزان باد شناسایی شدند. در نهایت به ترتیب استان‌های تهران، البرز، قم، اصفهان، قزوین، گلستان، گیلان بیشترین خطرپذیری را دارند.

پژوهش حاضر از نوع تحلیلی در سال 1395 برای کل کشور ایران انجام شد. ابتدا عوامل مؤثر شناسایی و با نظرات خبرگان وزن دهی و به چهار دسته تقسیم سپس داده‌ها با استفاده از منطق فازی تحلیل شدند توابع عضویت فازی برای هر دسته تعریف شد با تعریف 36 قانون مختلف تمامی حالات موجود با روش ممدانی، موردبررسی قرار گرفتند.

هدف از انجام پژوهش شناسایی مناطق خطرپذیر ایران نسبت به شیوع ویروس N5H8 با توجه به عوامل مؤثر، بود. نقشه پهنه‌بندی خطر به دست آمده با نمونه‌های گزارش شیوع ویروس آنفولانزای پرنندگان مطابقت مناسبی دارد.

کلمات کلیدی: سیستم اطلاعات مکانی، آنفولانزا در پرنندگان، منطق فازی، همه‌گیرشناسی

بیماری آنفولانزای پرندگان، نوعی بیماری واگیردار است. در سال‌های اخیر شاهد شیوع این بیماری در سطح آسیا و اروپا بوده‌ایم. با توجه به خاصیت جهش ژنتیکی این ویروس، شاهد انتقال این ویروس بین پستانداران و انسان‌ها نیز بوده‌ایم [1]. این بیماری توسط فضولات و مایعات بدن پرندگان مبتلا، به انسان قابل‌سرایت است. نمونه انتقال این بیماری از انسان به انسان بسیار کم مشاهده شده است [2]. در صورت شیوع بیماری آنفولانزای پرندگان و قرار گرفتن این ویروس در شرایط مختلف امکان تغییر رفتار این بیماری و جهش ژنتیکی و در نتیجه انتقال این ویروس از انسان به انسان وجود دارد، این موضوع مهم‌ترین دغدغه متخصصان است زیرا امکان عالم‌گیر شدن ویروس و بروز فاجعه وجود دارد [3]. عالم‌گیر شدن بیماری آنفولانزا دارای دوره‌های 25 ساله است. آخرین دوره فراگیری جهانی این بیماری در سال 1968 بوده است. امکان عالم‌گیری این بیماری ظرف 6 ماه در سراسر جهان وجود دارد [4].

Subtype [تحت تیپ] H5N1 ویروس آنفولانزای پرندگان در سال 2004 باعث تلفات سنگین شد [5]. در سال 2014 از بین 650 مورد ابتلای انسان به این بیماری 386 مورد مرگ بیمار گزارش شد [6]. تا سال 2012، در 63 کشور مختلف جهان گزارش‌ها ابتلای مرغ و پرندگان وحشی به آنفولانزای پرندگان مخابره شد. به عقیده بسیاری از صاحب‌نظران اثر مخرب شیوع این بیماری بر اقتصاد دامداری و کشاورزی بسیار عمیق بوده است. در سال‌های اخیر ایران صدها هزار پرنده را به دلیل شیوع آنفولانزا در ۱۷ استان معدوم کرده است. هزاران پرنده وحشی مخصوصاً غاز در مناطق مرکزی، مرده کشف شدند. از اواسط سال 2016 تا ابتدای 2017 به دنبال ۹ مورد شیوع آنفولانزا مرغی، ۷۲۵ هزار پرنده امحا شدند [7]. ایران به علت داشتن شرایط آب و هوایی متنوع و فرهنگ روستایی خاص، مستعد شیوع آنفولانزای پرندگان است. تقریباً در تمام روستاهای ایران شاهد نگهداری ماکیان برای استفاده از تخم، گوشت و سایر محصولات هستیم. از طرفی آب‌وهوای متنوع ایران این کشور را برای مهاجرت انواع پرندگان در فصول خاص مستعد کرده است [8].

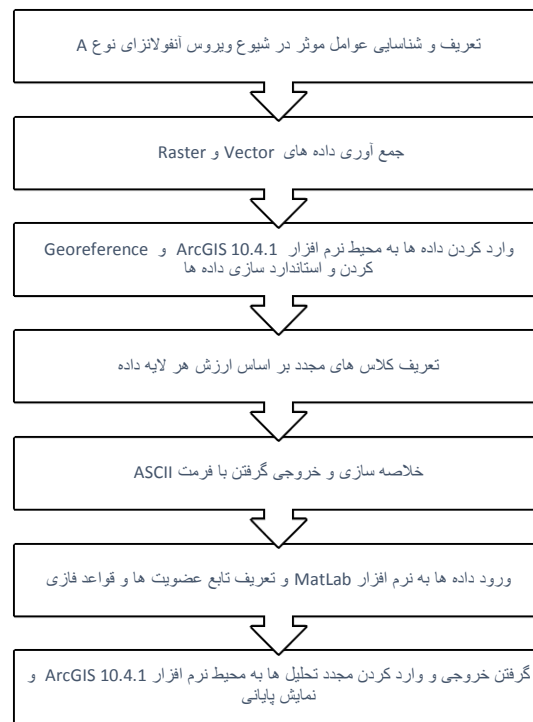
ویروس آنفولانزای پرندگان بر اساس قدرت بیماری‌زای آن‌ها به دودسته تقسیم می‌شوند. ویروس‌هایی بسیار پاتوژن (HPAT) که ممکن است مرگومیری در حدود 100٪ داشته باشد و در صورت انتقال به ماکیان، بسیار واگیردارند [9, 10]. باقی ویروس‌های آنفولانزای پرندگان باعث علائم ملایم و ابتدایی تنفسی می‌شوند که ممکن است به وسیله دیگر عوامل بیماری‌زا یا

وضعیت محیط تشدید شوند. پرندگان وحشی معمولاً دچار بیماری نشده و به‌عنوان ناقل عمل می‌کنند ولی این ویروس می‌تواند تلفات زیادی بین پرندگان اهلی داشته باشد [11]. با توجه به تفاوت ماهیت ژنتیکی تحت تیپ‌های مختلف این ویروس، شاهد خصوصیات و واکنش‌های متفاوت بین زیر دسته‌های آن هستیم، به‌طوری‌که برای شیوع به عوامل محیطی مختلف واکنش مختلفی دارند هدف از این پژوهش رسیدن به نقشه خطرپذیری کشور ایران در برابر شیوع تحت تیپ H5N8 ویروس آنفولانزای پرندگان است.

فارغ از انواع تحت تیپ‌های ویروس آنفولانزای پرندگان، این ویروس بر اثر عوامل مختلفی رشد و تکثیر می‌یابد. عوامل محیطی زیادی در این مسئله تأثیرگذارند. شرایط آب‌وهوایی، دما، نزدیکی به رودخانه، برکه و دریاچه، جهت و میزان باد، نزدیکی به محل زندگی انسان‌ها چه روستایی و چه شهری از جمله این عوامل هستند [12, 13]. از طرفی نوع پرورش و نگهداری پرندگان بومی نیز بسیار مهم است. در مناطق روستایی ایران شاهد نگهداری ماکیان در نزدیکی محل زندگی روستایان هستیم، این مسئله خود باعث ایجاد خطر برای شیوع انواع بیماری در بین پرندگان و انسان‌ها می‌شود. مهاجرت پرندگان دیگر مناطق به محل آلودگی و بازگشت این پرندگان ناقل بیماری مسئله مهمی است که باید مدنظر قرار گیرد. این مهاجرت‌ها علاوه بر شیوع بیشتر بیماری‌ها باعث ایجاد جهش ژنتیکی ویروس آنفولانزای پرندگان می‌شود [14].

2- روش کار

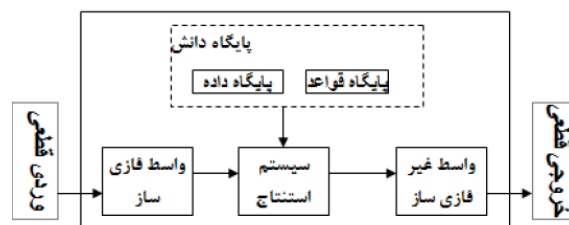
روش تحقیق در مقاله حاضر روش تحلیلی، تطبیقی است و با تکیه بر توانمندی‌های سامانه اطلاعات جغرافیایی (GIS) اقدام به شناسایی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفولانزای پرندگان گردید. در (شکل 6) فعالیت‌های انجام‌شده در این تحقیق نمایان است.



شکل 1: شرح فعالیت‌های انجام‌شده در این پژوهش

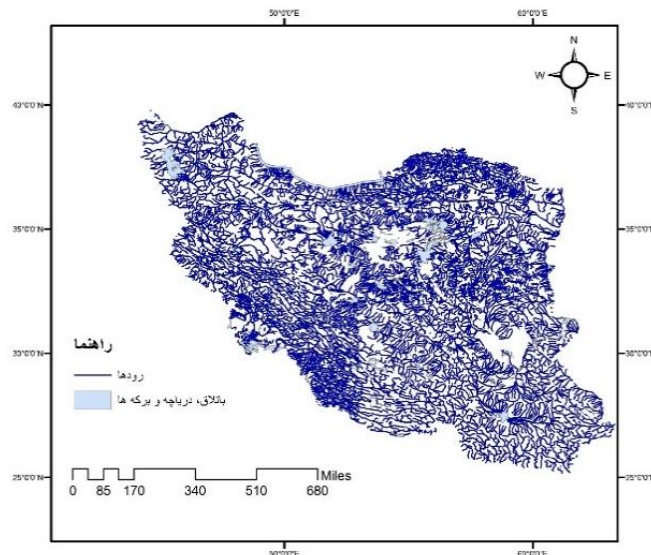
1-2 منطق فازی

منطق فازی نوعی منطق در ریاضیات است که جان‌شین الگوی ساده دودویی شده است. مفهوم منطق فازی نخستین بار در جهان، توسط دانشمند برجسته پروفیسور لطفی زاده، پروفیسور دانشگاه برکلی در کالیفرنیا در سال 1965 ارائه گردید [15]. این منطق شباهت بیشتری به تصمیمات ذهن انسان دارد. اساساً کاری که یک سیستم فازی انجام می‌دهد تبدیل دانش بشری به زبان قابل‌فهم کامپیوتر است. ساختار اصلی این سیستم از 4 جز واسط فازی ساز، پایگاه دانش، سیستم استنتاج و واسط غیر فازی ساز تشکیل شده است، که در (شکل 1) مشخص شده است.



شکل 2 : ساختار اصلی یک سیستم بر مبنای منطق فازی

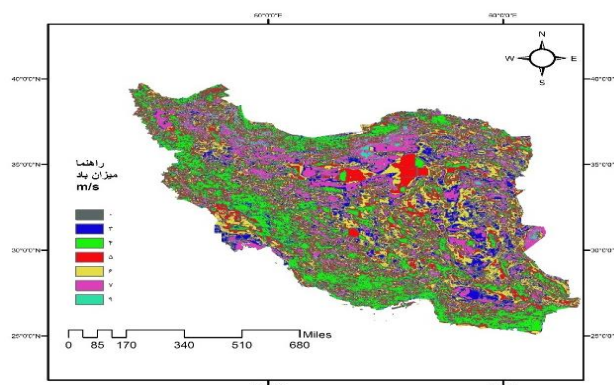
منطق فازی به‌جای تعابیر مطلق صفر و یکی از درجه عضویت فازی استفاده می‌کند. با توجه به کاربرد فراوان این منطق در علوم مهندسی در دهه اخیر شاهد استفاده بسیار وسیع این روش در علوم مهندسی بوده‌ایم. در این پژوهش به علت دقت بالا و همچنین



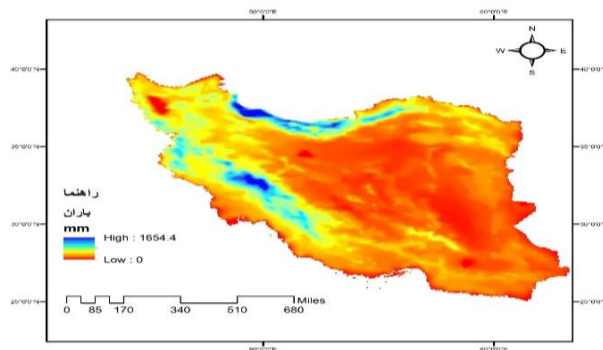
شکل 3: نقشه رودها، برکه‌ها، باتلاق‌ها و دریاچه‌های ایران

2-2-2- شرایط آب و هوایی

در اکثر پژوهش‌های انجام‌شده برای انواع ویروس‌های تحت تیپ آنفولانزای پرنندگان شرایط آب و هوایی تأثیر به‌سزایی در احتمال ابتلای پرنندگان دارد. به‌عنوان مثال شرایط آب و هوایی کوهستانی به علت سرد و خشک بودن احتمال ابتلای کمتری نسبت به هوای گرم و مرطوب دارد [12]. در پژوهش حاضر بررسی شرایط آب و هوایی به صورت دقیق‌تر مورد تأکید بوده است. میزان متوسط سالیانه دما، باد و باران به‌عنوان عوامل آب و هوایی انتخاب شد، سپس میزان تأثیرگذاری توسط مقایسه با پژوهش‌های دیگر و نظرات کارشناسان تعیین گردید. طبق نتایج پژوهش‌های مختلف دما رابطه مستقیمی با شیوع ویروس آنفولانزای پرنندگان دارد [17-19]. باد و کاهش میزان بارندگی نیز تأثیر مستقیمی در شیوع بیشتر ویروس آنفولانزای پرنندگان دارد [20, 21]. در شکل (4) و شکل (5) نقشه متوسط سالیانه میزان باد و باران ایران را می‌توان مشاهده کرد.



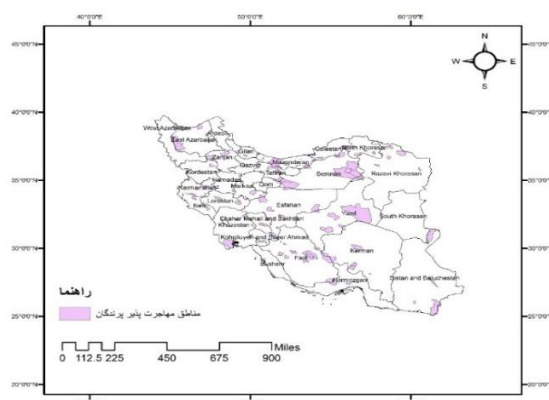
شکل 4: نقشه متوسط سالیانه میزان باد ایران



شکل 5: نقشه متوسط سالیانه باران ایران

2-2-3- مهاجرت پرندگان

مهم ترین راه انتقال ویروس آنفولانزای پرندگان تماس مستقیم با فضولات و مایعات بدن پرنده آلوده است [22]. بسیاری از پرندگان صدها کیلومتر را طی می‌کنند تا به محل دیگری مهاجرت کنند، اگر در بین این پرندگان موردی به ویروس مبتلا باشد، ویروس می‌تواند مسافت‌های بسیار زیادی را طی کند و در شرایط محیطی جدید جهش ژنتیکی خطرناکی داشته باشد [23, 24]. ایران سالانه شاهد ورود هزاران پرنده مهاجر است. مهاجرت این پرندگان به نواحی گوناگون به نوع پرنده بستگی دارد. به عنوان مثال اگر پرنده از نوع جنگلی باشد، به سمت جنگل فندق لو یا جنگل‌های گیلان، مازندران و گلستان می‌رود. پرندگان بیابانی نیز به مناطق بیابانی ایران می‌روند. پرندگان آبی نیز به سمت تالاب‌ها و دریاچه‌ها مسیر را طی می‌کنند.



شکل 5: نقشه مناطق مهاجرت‌پذیر پرندگان ایران

2-2-4- مجاورت با انسان

هر چه تماس فیزیکی انسان با پرندگان بیشتر باشد احتمال انتقال ویروس به آن‌ها بیشتر است. همان‌طور که گفته شد با توجه به سبک زندگی

روستایی در ایران و نگهداری ماکیان در محل زندگی روستانشینان خطر ابتلا آن‌ها به ویروس بسیار زیاد است. در ایران تقریباً روستایی وجود ندارد که از این امر مستثنا باشد. پس روستاهای ایران اولین عامل مجاورت انسان با پرندگان است [25]. از طرفی مراکز تولید و نگهداری مرغ و طیور در سطح کشور به علت تراکم زیاد می‌توانند هم باعث گسترش بیماری بین پرندگان شود و از طرفی باعث انتقال ویروس به انسان‌ها گردد. عامل سوم میزان تراکم جمعیت مردم در سطح کشور است. هرچقدر تراکم بالاتر باشد امکان انتقال ویروس بیشتر می‌شود.

3- تحلیل یافته‌ها

در قسمت قبل به بررسی عوامل مؤثر بر شیوع ویروس آنفلوآنزای پرندگان پرداخته شد. پس از جمع‌آوری انواع داده‌های مکانی مربوط به عوامل، این داده‌ها وارد نرم‌افزار ArcGIS شدند. در مرحله بعد داده‌ها Georeference شدند. سپس با استفاده از نظر کارشناسان و راهنمای مراقبت و کنترل بیماری آنفلوآنزا در جمهوری اسلامی ایران هر عامل استاندارد شد. به وسیله وزن‌های گرفته‌شده از نظرات کارشناسان به تعریف کلاس‌های مجدد و ادغام زیر دسته‌ها به دسته‌های اصلی پرداخته شد. این کار برای ادغام لایه‌هایی که دارای واحدهای متفاوتی هستند ضروری است. مثلاً در دسته شرایط آب و هوایی ارزش زیر دسته‌های میزان باد (متر بر ثانیه) و دما (درجه سلسیوس) استانداردسازی شود سپس باهم ادغام شوند. در (جدول 1) می‌توان میزان ارزش‌گذاری مجدد هر عامل را که منجر به استاندارد شدن عوامل می‌شود، مشاهده کرد.

: میزان ارزش‌گذاری مجدد هر عامل جهت استانداردسازی 1جدول

10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	میزان ارزش	نام عمل
3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	کیلومتر	ف.ا. وکه
3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	کیلومتر	ف.ا. دریاچه
3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	کیلومتر	ف.ا. رودخانه
10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	کیلومتر و ثانیه	میزان باد
200	350	500	650	800	950	1100	1350	1500	1700	میلی متر و متر مربع	بارندگی
35	32	30	28	25	22	20	16	13	10	سلسیوس	دما
3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	کیلومتر	ف.ا. مناطق مهاجرت پرنندگان
368	315	255	197	149	110	83	61	32	10	نفو کیلومتر مربع	جمعیت
3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	کیلومتر	ف.ا. روستا
3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	کیلومتر	ف.ا. چراک و پرورش و کشتارگاه

سپس این عوامل تحت چهار دسته کلی تجمیع شدند. در (جدول 2) سهم هر عامل در دسته کلی مشخص شده است.

جدول 2: سهم هر زیر دسته در تشکیل دسته

سهم زیر دسته	زیر دسته (عامل)	نام دسته
40%	ف.ا. برکه	آب
40%	ف.ا. دریاچه	
20%	ف.ا. رودخانه	
30%	میزان باد	شرایط آب و هوایی
30%	بارندگی	
40%	دما	
100%	ف.ا. مناطق مهاجرت پرنندگان	مهاجرت
15%	جمعیت	تراکم جمعیت
35%	ف.ا. روستا	
50%	ف.ا. مراکز پرورش و کشتارگاه	

سپس از دسته‌های اصلی با فرمت ASCII خروجی گرفته شد و وارد نرم افزار MatLab شد. در مرحله بعد هر چهار دسته یک تابع عضویت در نظر گرفته شد. در (جدول 3) تابع عضویت و شکل تابع فازی مشخص است.

جدول 3: تابع عضویت و شکل تابع فازی

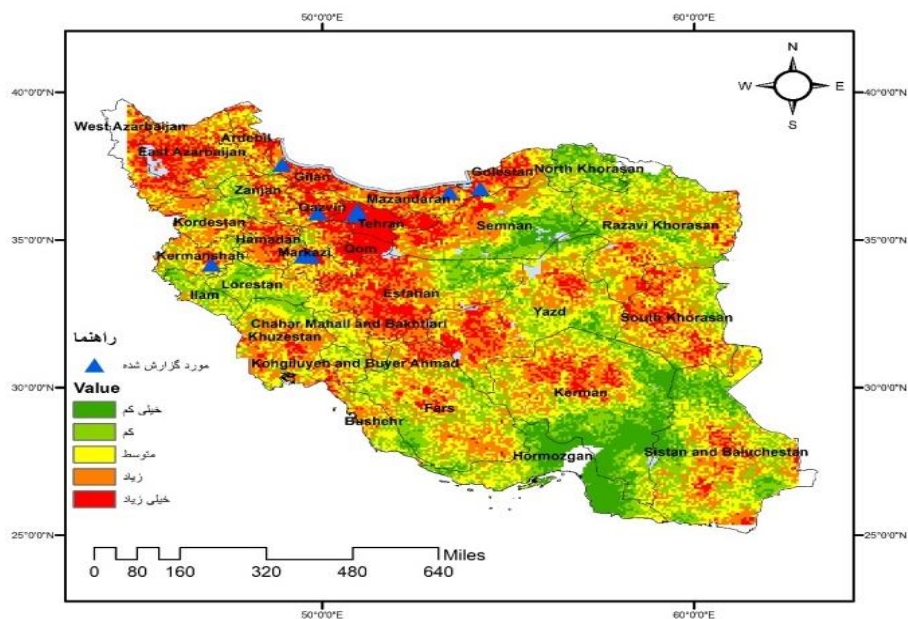
شکل تابع عضویت فازی	تابع عضویت
---------------------	------------



بعد از اینکه ورودی‌ها و خروجی به همراه تابع عضویشان تعریف شدند حال باید یک سری قوانین تعریف شوند که پل ارتباطی این ورودی‌ها و خروجی می‌باشند. قوانین باید به گونه‌ای باشند که تمام حالاتی که امکان دارد برای هر پیکسل به وجود آید را در برگیرند. در این تحقیق برای اینکه تمام حالات در نظر گرفته شود، 36 قانون وجود دارد که این عدد رابطه مستقیم با توابع عضویت ورودی‌ها دارد. پس از اجرای قوانین فوق نتیجه حاصله وارد نرم افزار ArcGIS شد.

4- نتایج

در (شکل 7) می‌توان نتیجه نهایی مدل‌سازی را مشاهده کرد. در این نقشه پیش بینی خطرپذیری ایران در برابر بیماری آنفلونزای پرندگان به تفکیک استان‌های مختلف ایران مشخص شده است. بعد از تهیه نقشه فوق برای دست آوردن میزان دقت کار تصمیم بر آن شد که این نقشه با استفاده از گزارش‌های عینی مورد ارزیابی قرار بگیرند. همان‌طور که در (شکل 7) مشاهده می‌کنید، نقشه به دست آمده و مورد‌های گزارش شده در اواخر سال 2016 تا ماه ژانویه 2017 [7] مطابقت مناسبی با یکدیگر دارند. در نهایت به ترتیب استان‌های تهران، البرز، قم، اصفهان، قزوین، گلستان، گیلان بیشترین خطرپذیری را دارند.



شکل 7: نقشه پهنه‌بندی خطر شیوع ویروس آنفولانزای پرندگان در ایران و موارد گزارش‌شده

در جدول شماره 4 نوع داده مکانی مورد استفاده در این پژوهش و همچنین منبع این داده ها آمده است.

منبع داده	نوع داده مکانی	
www.diva-gis.org	وکتور (خطی)	برکته - رودخانه - دریاچه
[26]	رستر	میزان باد
[27]	رستر	میزان بارندگی - دما
biodiversitymapping.org	وکتور (سطحی)	مناطق مهاجرت پذیر پرندگان
www.diva-gis.org	وکتور (نقطه ای)	روستاها
www.diva-gis.org	وکتور (نقطه ای)	جمعیت
[28] www.openstreetmap.org	وکتور (نقطه ای)	کشتارگاه ها

در زمینه تهیه پهنه‌بندی خطر شیوع ویروس آنفولانزای پرندگان در ایران متاسفانه پژوهش‌های زیادی صورت نگرفته است. اما برخی از پژوهش‌ها به بررسی عوامل موثر بر خطر شیوع

و ویروس آنفولانزای پرندگان در ایران پرداخته اند. این پژوهش‌ها که بیشتر در حیطه اپیدمیولوژی قرار دارند، به بررسی میدانی عوامل مختلف محیطی موثر بر شیوع و انتقال ویروس آنفولانزای پرندگان می‌پردازند. البته همانگونه که قبلاً نیز گفته شد، عوامل محیطی وابستگی زیادی به ژنتیک و ویروس آنفولانزای پرندگان دارد و هر ساله ممکن است، نسبت به عوامل مختلف محیطی واکنش متفاوتی از این ویروس شاهد باشیم. در جدول 5 می‌توان مقایسه‌ای از عوامل بررسی شده در پژوهش حاضر و پژوهش‌های مشابه داخلی و خارجی در این زمینه را مشاهده کرد. این پژوهش‌ها با استفاده از عوامل موثر و بررسی میزان تاثیر آنها و تهیه نقشه مورد بررسی قرار گرفته‌اند.

[30]	[29]	[14]	[28]	پژوهش حاضر	
			*	*	میزان باد
*	*	*		*	بارندگی
*	*	*	*	*	دما
*				*	مناطق مهاجرت پرندگان
*	*			*	جمعیت روستا
		*	*	*	مراکز پرورش و کشتارگاه
*		*	*	*	محیط‌های آبی
*	*	*	*	*	بررسی عوامل و میزان تاثیر
*	*			*	تهیه نقشه

در این پژوهش میزان تأثیر هر عامل از طریق مطالعه پژوهش‌های دیگر و نظرات نخبگان استخراج شد. پیشنهاد می‌گردد در پژوهش‌های آتی میزان تأثیر عوامل به صورت میدانی و دقیق‌تر مورد بررسی قرار گیرد.

منابع:

- 1 Shinya, K., et al., *Avian flu: influenza virus receptors in the human airway*. Nature, 2006. **440**(7083): p.

435-436.

- .2 Fouchier, R.A., et al., *Transmission studies resume for avian flu*. Science, 2013. **339**(6119): p. 520-521.
- .3 Iwami, S., Y. Takeuchi, and X. Liu, *Avian flu pandemic: Can we prevent it?* Journal of theoretical biology, 2009. **257**(1): p. 181-190.
- .4 Smith, G.J., et al., *Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic*. Nature, 2009. **459**(7250): p. 1122-1125.
- .5 Li, K., et al., *Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia*. Nature, 2004. **430**(6996): p. 209-213.
- .6 Fan, S., et al., *Novel residues in avian influenza virus PB2 protein affect virulence in mammalian hosts*. Nature communications, 2014. **5**.
- .7 <http://www.oie.int/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2017/>.
- .8 Hatami, H., *History of Influenza: Pandemics in Iran and the World*. International Journal of Infection, 2016. **3**(4)
- .9 Claas, E.C., et al., *Human influenza A H5N1 virus related to a highly pathogenic avian influenza virus*. The Lancet, 1998. **351**(9101): p. 472-477.
- .10 Spackman, E., et al., *Development of real-time RT-PCR for the detection of avian influenza virus*. Avian diseases, 2003. **47**(s3): p. 1079-1082.
- .11 Prosser, D.J., et al., *Spatial modeling of wild bird risk factors to investigate highly pathogenic A (H5N1) avian influenza virus transmission*. Avian Diseases, 2015.
- .12 Lu, L., A.J.L. Brown, and S.J. Lycett, *Quantifying predictors for the spatial diffusion of avian influenza virus in China*. BMC Evolutionary Biology, 2017. **17**(1): p. 16.
- .13 Hill, E.M., et al., *Modelling H5N1 in Bangladesh across spatial scales: model complexity and zoonotic transmission risk*. Epidemics, 2017.
- .14 Mehrabadi, M.F., et al., *Sero-survey of Avian Influenza in backyard poultry and wild bird species in Iran—2014*. Preventive veterinary medicine, 2016. **128**: p. 1-5.
- .15 Zadeh, L.A., *Fuzzy sets*. Information and control, 1965. **8**(3): p. 338-353.
- .16 Fang, L.-Q, et al., *Environmental factors contributing to the spread of H5N1 avian influenza in*

- mainland China*. PloS one, 2008. **3**(5): p. e2268.
- .17 Adegboye, O. and D. Kotze, *Epidemiological analysis of spatially misaligned data: a case of highly pathogenic avian influenza virus outbreak in Nigeria*. *Epidemiology and infection*, 2014. **142**(05): p. 940-949.
 - .18 Mu, J.E., et al., *Climate change and the risk of highly pathogenic avian influenza outbreaks in birds*. *British Journal of Environment and Climate Change*, 2014 . : (2)4p. 166.
 - .19 Davis, H.A., *Current and Future Challenges of Preventing Outbreaks of Highly Pathogenic Avian Influenza*. 2016, Kansas State University.
 - .20 Madsen, J.M., et al., *Avian influenza seroprevalence and biosecurity risk factors in Maryland backyard poultry: a cross-sectional study*. PloS one, 2013. **8**(2): p. e56851.
 - .21 Flint, P.L., et al., *Wild bird surveillance for highly pathogenic avian influenza H5 in North America*. *Virology journal*, 2015. **12**(1): p. 1.
 - .22 Bridge, E.S., et al., *Bird migration and avian influenza: A comparison of hydrogen stable isotopes and satellite tracking methods*. *Ecological indicators*, 2014. **45**: p. 266-273.
 - .23 Osterhaus, A.D., et al., *Long-term variation in influenza A virus prevalence and*. 2014.
 - .24 Javid, N., et al ., *Clinical and Epidemiological Profile of Pandemic Influenza A H1N1, H3N2, and Type B in the Southeast of Caspian Sea, Iran*. *Jundishapur Journal of Microbiology*, 2017(In press).
 - .25 Ghafouri, S.A., et al., *Phylogenetic study-based hemagglutinin (HA) gene of highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) detected from backyard chickens in Iran, 2015*. *Virus Genes*, 2016: p. 1-4.
 - .26 Satkin, M., et al., *Multi criteria site selection model for wind-compressed air energy storage power plants in Iran*. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2014. **32**: p. 579-590.
 - .27 Azizkhani, M., et al., *Potential survey of photovoltaic power plants using Analytical Hierarchy Process (AHP) method in Iran*. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2016.
 - .28 Fallah Mehrabadi ,M., et al., *Seroepidemiology of Avian Influenza (H9N2) in Rural Domestic Poultry of Iran: A Cross-Sectional Study*. *Iranian Journal of*

- Epidemiology, 2015. **10**(4): p. 1-9.
- .29 Fuller, T.L., et al., *Mapping the risk of avian influenza in wild birds in the US* .BMC Infectious Diseases, 2010. **10**(1): p. 187.
- .30 Fang, L.-Q., et al., *Mapping spread and risk of avian influenza A (H7N9) in China*. Scientific reports, 2013. **3**.