Animal health and infectious diseases
Volume 2, Issue 2
Journal homepage: https://jahid.lu.ac.ir/

Genomic Detection of *Coxiella burnetii* in Sheep and Goats Milk in Alashtar City Using Nested-PCR Method

Mehdi Hassanvand [1], Shiva Azadi Chgeni*[2], Nastaran Nemati [2]

1. 1. Master's degree in Bacteriology, Vera Vaccine Company
2. 2. Department Microbiology and Food Hygiene, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran.

ABSTRACT

Background and Aim: Q fever is a zoonotic disease caused by a highly pathogenic, Gram-negative, obligate intracellular bacterium called *Coxiella burnetii*. Herds of cattle, sheep, and goats are the main reservoirs of this disease, but many other animal species can also become infected and shed the organism through milk. Consumption of unpasteurized milk and dairy products is considered a common method for the transmission of this infection from animals to humans. Therefore, this study was conducted to determine the prevalence of *C. burnetii* in raw sheep and goat milk in Alashtar County.

Materials and Methods: This cross-sectional descriptive study was conducted from March 2015 to May 2015. A total of 202 sheep and goat milk samples were randomly collected from the villages surrounding Alashtar County and were tested for the presence of *C. burnetii* using the nested polymerase chain reaction (Nested-PCR) method.

Results and Conclusion: In this study, 202 samples were tested, of which 1 out of 60 goat samples (2%) and 6 out of 142 sheep milk samples (4%) were positive for the specific genome of *C. burnetii*. According to the descriptive statistics table regarding all collected data from different seasons and regions, it was observed that approximately 97% of the samples were negative and about 3% were positive. Overall, the results of this research indicated that sheep and goat milk could be a potential reservoir for *C. burnetii* in Iran.

Keywords: Q fever, *C. burnetii*, polymerase chain reaction, sheep, goat, Alashtar

Received: 28.09.2025 **Accept:04.12.2025** **Final Edit: 15.12.2025** **Online Publish:25.12.2025**

Corresponding Information: Shiva Azadi Chgeni, Department Microbiology and Food Hygiene, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran. Email: azadi.shiva1990@gmail.com

Cite this article: Hassanvand, Mehdi; Azadi Chgeni, Shiva; Nemati, Nastaran (2025). Genomic Detection of *Coxiella burnetii* in Sheep and Goats Milk in Alashtar City Using Nested-PCR Method. *Animal health and infectious diseases*. 2(2), 9-15.

بهداشت و بیماری های عفونی دام
شماره ۲، دوره ۲
صفحه مجله: https://jahid.lu.ac.ir/

جستجوی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در شیر گوسفندان و بزان در شهرستان الشتر با استفاده از روش Nested-PCR

مهدی حسنوند [۱] شیوا آزادی چگنی [۲*] نسترن نعمتی [۲]

۱. دانش آموخته کارشناسی ارشد باکتری شناسی، شرکت ویرا واکسن
۲. گروه میکروبیولوژی و بهداشت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران

چکیده

زمینه و هدف: تب کیو یک بیماری مشترک بین انسان و حیوان است که توسط باکتری گرم منفی میله‌ای داخل سلولی اجباری، به نام *کوکسیلا بورنتی*، با قدرت بیماری‌زایی بسیار بالا ایجاد می‌شود. گله‌های گاو، گوسفندان و بزها، مخازن اصلی این بیماری هستند، ولی بسیاری از گونه‌های جانوری دیگر هم می‌توانند آلوده شده و ارگانیسم را از طریق شیر دفع کنند. مصرف شیر و محصولات لبنی غیرپاستوریزه به عنوان یک روش رایج برای انتقال این عفونت از دام‌ها به انسان‌ها در نظر گرفته می‌شود. بنابراین، این مطالعه با هدف تعیین میزان شیوع *کوکسیلا بورنتی* در شیر خام گوسفند و بز در شهرستان الشتر انجام شد.

مواد و روش‌ها: این مطالعه به صورت مقطعی- توصیفی از اسفند ۱۳۹۳ تا اردیبهشت ماه ۱۳۹۴ انجام شد. در مجموع ۲۰۲ نمونه شیر گوسفند و بز به صورت تصادفی از روستاهای اطراف شهرستان الشتر جمع‌آوری شد و از نظر حضور *کوکسیلا بورنتی* به روش واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز آشیانه‌ای (Nested-PCR) مورد آزمایش قرار گرفتند.

یافته‌ها و نتیجه گیری: در این مطالعه ۲۰۲ نمونه مورد آزمایش قرار گرفت که از مجموع ۶۰ نمونه بز، ۱ نمونه (۲ درصد) و از مجموع ۱۴۲ نمونه شیر گوسفند۶ نمونه (۴ درصد) از نظر وجود ژنوم خاص *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند. با توجه به جدول آمار توصیفی در مورد کل داده‌های گردآوری شده در فصول و مناطق مختلف مشاهده شد که حدود ۹۷ درصد نمونه‌ها منفی و حدود ۳ درصد آن‌ها مثبت بود. در کل نتایج این پژوهش نشان داد که شیر گوسفند و بز می‌تواند یکی از مخازن بالقوه *کوکسیلا بورنتی* در ایران باشد.

کلیدواژه‌ها: تب کیو، *کوکسیلا بورنتی*، واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، گوسفند، بز، الشتر

دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۰۶ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۱۳ ویرایش نهایی: ۱۴۰۴/۰۹/۲۴ انتشار آنلاین: ۱۴۰۴/۱۰/۰۴

اطلاعات نویسنده مسئول: شیوا آزادی چگنی، گروه میکروبیولوژی و بهداشت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران. Email: azadi.shiva1990@gmail.com

استناد: حسنوند، مهدی؛ آزادی چگنی، شیوا؛ نعمتی، نسترن. (۱۴۰۴). جستجوی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در شیر گوسفندان و بزان در شهرستان الشتر با استفاده از روش Nested-PCR. *بهداشت و بیماری های عفونی دام*، ۲ (۲)، ۹-۱۵.

مقدمه

تب کیو یک بیماری مشترک بین انسان و دام با انتشار جهانی است که در نواحی جغرافیایی با آب و هوای متفاوت گزارش شده است. عامل بیماری یک میکروارگانیسم ریکتزیا مانند و دارای زندگی داخل سلولی اجباری به نام *کوکسیلا بورنتی* می‌باشد (۱). که طیف وسیعی از حیوانات از قبیل گاو، گوسفند، بز، سگ، گربه، پریمات‌های غیر انسانی، خزندگان، دوزیستان، پرندگان (اهلی و وحشی)، ماهی و تعداد زیادی از کنه‌ها را می‌تواند آلوده کند (۲). از بین حیوانات اهلی گاوهای شیری، گوسفند و بز بزرگ‌ترین مخازن این باکتری هستند(۳). رحم و غدد پستانی حیوان اولین محل جایگزینی عامل بیماری در فاز مزمن آلودگی با *کوکسیلا بورنتی* هستند. حیوانات آلوده این میکروارگانیسم را از طریق ترشحات دفعی، ترشحات رحمی و قطعاتی از جفت در طی زایمان، به میزان زیاد به محیط دفع می‌کنند. یکی دیگر از مهم‌ترین راه‌های دفع *کوکسیلا بورنتی* به محیط شیر دام‌های آلوده می‌باشد (۴). *کوکسیلا بورنتی* معمولاً در حیوانات آبستن موجب سقط جنین در هفته آخر آبستنی می‌شود ولی مرده‌زایی و تولد بره‌های زنده و ضعیف نیز به دنبال عفونت با آن دیده می‌شود . علائم بیماری در انسان بسیار متغیر است و حدود ۶۰درصد از افراد با تیتر سرمی مثبت علائم بالینی مشخصی از خود بروز نمی‌دهند. تب کیو حاد به صورت بیماری آنفلوانزا، پنومونی یا هپاتیت غیر واضح بروز می‌کند. این بیماری وقوع ناگهانی دارد و در اصل یک بیماری شغلی محسوب می‌شود و معمولا در پرورش دهندگان حیوانات، شیردوشان، کارگران کشتارگاه‌ها، کارکنان واحدهای تولید شیر، شاغلین کارخانه‌های چرم، روغن و کود و یا افراد شاغل در آزمایشگاه مشاهده می‌شود (۵). راه اصلی انتقال عامل بیماری به انسان از طریق استنشاق آئروسل‌های آلوده و سایر راه‌ها شامل راه گوارشی، گزش کنه و یا موارد تصادفی در آزمایشگاه می‌باشد (۶). با این حال اهمیت آلودگی شیر گوسفند و بز به‌عنوان یکی از مهم‌ترین راه‌های انتقال بیماری به انسان مطرح و قابل بحث می‌باشد (۷). معمولی ترین راه تشخیص تب کیو، تعیین آنتی بادی اختصاصی بوسیله آزمون های ایمونولوژی می باشد روش PCR به عنوان یک روش مطمئن و سریع جهت تشخیص *کوکسیلا بورنتی* از طرف بسیاری از محققین پیشنهاد شده است (۸).

هدف از انجام مطالعه حاضر بررسی شیوع بیماری تب کیو در گوسفند و بز در شهرستان الشتر با روش Nested-PCR بود تا با مشخص شدن شیوع بیماری، انجام برنامه کنترل بیماری در جمعیت دامی در دستور کار سیاست‌گذاران بهداشتی قرار گیرد که این امر نیز به‌نوبه خود با کنترل بیماری در جمعیت انسانی همراه خواهد شد.

مواد و روش کار

این مطالعه به صورت مقطعی- توصیفی از زمستان ۱۳۹۳ تا بهار ۱۳۹۴ انجام شد. نمونه‌گیری مرحله اول در زمستان ۱۳۹۳، شامل ۷۷ نمونه شیر گوسفند و ۲۳ نمونه شیر بز از روستاهای جاده نورآباد (غرب) و جاده خرم‌آباد (جنوب) شهرستان الشتر و نمونه‌گیری مرحله دوم در فصل بهار ۱۳۹۴، از روستاهای اطراف جاده کهمان (شمال) و جاده بروجرد (شرق) الشتر ، که شامل ۶۵ نمونه شیر گوسفند و ۳۷ نمونه شیر بز بود. نمونه های اخذ شده به درون لوله های استریل ریخته شده و به آزمایشگاه میکروب شناسی دانشگاه لرستان منتقل گردید. پس از سانتریفیوژ کردن نمونه‌ها وحذف چربی از لایه رویی شیر. جهت استخراج DNA از رسوب حاصل، از کیت (Gene All cell SV mini 250 p)طبق دستورالعمل سازنده استفاده شد. DNA استخراج شده تا زمان انجام آزمون PCR در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگه‌داری گردید. به منظور ردیابی *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌ها از روش بری و همکاران استفاده شد (۹). برای بررسی حضور DNA ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌ها، از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز آشیانه‌ای (Nested-PCR) استفاده گردید. توالی آغازگرهای مورد استفاده برای تکثیر ژن *com*1 که کد کننده پروتئین غشای خارجی *کوکسیلا بورنتی* می‌باشد، براساس مطالعه Zhang و همکاران (۱۹۹۸) و Fretz و همکاران (۲۰۰۷) انتخاب و انجام گرفت (۱۰،۲۳).

برای انجام PCR مرحله اول، غلظت بهینه مواد به کار رفته در واکنش، در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر به صورت زیر استفاده گردید. مسترمیکس آماده ساخت کشور دانمارک (Ampliqon, Denmark) به حجم ۱۲ / ۵ میکرولیتر، DNA نمونه مشکوک به حجم ۲ میکرولیتر و ۱ میکرولیتر از هر پرایمر (پرایمرهای OMP1,OMP2) و مابقی حجم را آب مقطر اضافه و سپس همه مواد به داخل یک میکروتیوپ ۲ / ۰ میلی لیتری منتقل و پس از مخلوط کردن در دستگاه ترموسایکلر (Biorad, USA) قرار داده شد. برنامه دمایی به‌صورت ۹۴ در جه سانتی‌گراد ۳ دقیقه، ۳۰ چرخه دمایی به ترتیب ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، ۵۶ درجه سانتی‌گراد به مدت

۴۵ ثانیه، ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه بود و در ادامه مرحله نهایی ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه تنظیم گردید.

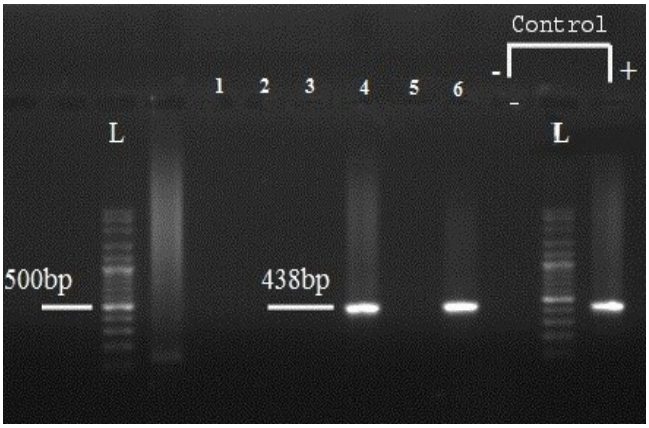
برای PCR مرحله دوم از پرایمرهای OMP3-OMP4 استفاده شد. در این مرحله همه شرایط از قبیل مخلوط واکنش‌گرهای PCR و برنامه زمانی و دمایی مطابق مرحله اول اجرا شد. محصولات PCR حاصل از واکنش مرحله دوم در ژل آگارز ۱% حاوی یک میکرولیتر DNA safe stain الکتروفورز گردید و با دستگاه تصویربرداری از ژل‌داک (GelDoc) مشاهده و بررسی شد. طول قطعات DNA تکثیر یافته به روش PCR مربوط به جفت پرایمرهای OMP1-OMP2 و OMP3-OMP4 به‌ترتیب ۵۰۱ و ۴۳۸ جفت باز می‌باشد (جدول ۱ را ببینید). در این بررسی، کنترل مثبت DNA ژنومی *کوکسیلا بورنتی* استاندارد (Genekam Biotechnology AG, Germany Ref. Number: K047) بود که از آقای دکتر محمدرضا محزونیه استاد داتشکده دامپزشکی شهرکرد دریافت گردیده بود و کنترل منفی شامل مخلوط کلیه واکنش‌گرهای PCR بدون حضور DNA در نظر گرفته و به جای DNA ، آب مقطر استریل به لوله‌ها اضافه شد.

اندازه قطعه (bp)	پرایمر	توالی پرایمر ۵´→۳´	
۵۰۱	OMP1	AGTAGAAGCATCCCAAGCATTG	مرحله ۱
	OMP2	TGCCTGCTAGCTGTAACGATTG	
۴۳۸	OMP3	GAAGCGCAACAAGAAGAACAC	مرحله ۲
	OMP4	TTGGAAGTTATCACGCAGTTG	

جدول۱) پرایمرهای مورد استفاده

یافته‌ها و نتیجه‌گیری

نتایج بررسی الکتروفورز محصولات مرحله دوم PCR در ژل آگارز، نشان داد، از تعداد ۶۰ نمونه بز، ۱ نمونه مثبت (۲٪) و ۵۹ نمونه منفی (۹۸٪) و از تعداد ۱۴۲ نمونه گوسفند ۶ نمونه مثبت (۴٪) و ۱۳۶نمونه منفی (۹۶٪) شد. به عبارت دیگر درصد آلودگی گوسفند از بز بالاتر می‌باشد. در این مطالعه مشاهده باند ۴۳۸ جفت باز در مرحله دوم (Nested-PCR) به‌عنوان مثبت در نظر گرفته شد (تصویر ۱) .



تصویر –۱ . نتایج Nested-PCR نمونه‌ها در ژل ۱ درصد؛ ستون ۵،۳،۲،۱: نمونه‌های منفی، ستون L: مارکر ۱۰۰ زوج بازی و ستون‌های۴و ۶: نمونه‌های مثبت، در این مرحله باند ۴۳۸ زوج بازی به‌عنوان مثبت در نظر گرفته شد، ستون+:Positive control ، ستون –: Negative control

با توجه به جدول ۲ آمار توصیفی در مورد کل داده‌های گردآوری شده نشان می‌دهد بیش از ۳ درصد نمونه‌ها مثبت و حدود ۹۷ درصد نمونه‌ها منفی می‌باشند.

نمونه	بز	گوسفند	فراوانی (تعداد)	درصد
مثبت	۱	۶	۷	۳/۴۷
منفی	۵۹	۱۳۶	۱۹۵	۹۶/۵۳
جمع	۶۰	۱۴۲	۲۰۲	۱۰۰

جدول ۲) میزان فراوانی موارد مثبت و منفی کل نمونه‌ها

با توجه به جدول ۳ ارائه شده تعداد ۱۰۰ نمونه در فصل زمستان، ۱۰۲ نمونه در فصل بهار تحت بررسی قرار گرفته‌اند. میزان آلودگی در بین نمونه‌های مثبت در فصل زمستان ۴ عدد (۴) درصد و در بین نمونه‌های مثبت در فصل بهار ۳ عدد (۲/۹۴) درصد بود. با توجه به نتایج به دست آمده اختلاف قابل توجهی بین میزان آلودگی در فصل زمستان و بهار مشاهده نشد، بنابراین می‌توان گفت که نوع فصل روی فراوانی عفونت تأثیر ندارد.

نمونه	زمستان	بهار	جمع کل
منفی	۹۶	۹۹	۱۹۵
مثبت	۴	۳	۷
جمع کل	۱۰۰	۱۰۲	۲۰۲

جدول ۳) تعداد نمونه‌های مثبت و منفی در فصول مختلف

بحث

بیماری تب کیو به‌عنوان یک زئونوز نوپدید و باز پدید در بسیاری از کشورها از جمله ایران مطرح می باشد. اگر چه این بیماری جنبه

شغلی داشته و در افرادی که در تماس با حیوانات و محصولات آن‌ها هستند فراوانی بیشتری دارد، اما با توجه به مقاومت بالای عامل بیماری‌زا در محیط و انتقال آن از طریق هوا امکان آلودگی سایر افراد جمعیت نیز وجود دارد و امروزه به عنوان یکی از مخاطرات مهم سلامتی انسان به صورت طبیعی و غیر طبیعی (بیوتروریسم) مطرح می‌باشد. تعیین میزان شیوع آلودگی و فاکتورهای خطر باعث می‌شود که اهمیت عفونت برای مسئولین بهداشتی نمایان گردد و امکانات و تجهیزات لازم جهت کنترل و پیشگیری و نیز اولویت‌های پژوهشی مشخص شود (۱۱).

با توجه به اهمیت باکتری *کوکسیلا بورنتی*، تشخیص سریع و دقیق آن بسیار حائز اهمیت است. علیرغم در دسترس بودن تکنیک‌های مختلف تشخیصی برای این عامل، این تکنیک‌ها دارای معایبی از جمله هزینه بر بودن، نیازمند بودن به شرایط خاص آزمایشگاهی و زمان بر بودن هستند. تکنیک‌های مولکولی به علت دقت بالا و سرعت زیاد در روند تشخیص می‌تواند بسیار مؤثر باشند. لذا بومی‌سازی تکنیک‌های مولکولی در کشور جهت تشخیصی عامل تب کیو توصیه می‌شود (۱۱).

مطالعه حاضر، نشان داد که *عفونت کوکسیلوزیس* درجمعیت گوسفند و بز شهرستان الشتر وجود دارد و شیوع آن در گوسفند ۴ درصد و بز ۲ درصد می‌باشد.

در مطالعه‌ای در سال ۲۰۲۴ Blanda و همکاران در ایتالیا، نمونه‌های خون، شیر، و بافت‌های مختلف از گوسفندها در دو گله مختلف را از نظر حضور *کوکسیلا بورنتی* با روش‌های مولکولی مانند PCR و روش‌های سرولوژیکی مانند الیزا مورد بررسی قرار دادند. یافته‌ها نشان دادند که DNA *کوکسیلا بورنتی* در ۱ / ۷ درصد از نمونه‌های خون، ۲۰ درصد از نمونه‌های شیر شناسایی شد (۱۲).

در سال ۲۰۲۳ Shujat و همکاران در مطالعه‌ای، به تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های شیر خام جمع‌آوری شده از حیوانات مزرعه‌ای در مناطق کسور و لاهور پنجاب، پاکستان پرداختند. در این مطالعه ۳۰۴ نمونه شیر از گله‌های مختلف گاو، گاومیش، بز و گوسفند جمع‌آوری شد. برای شناسایی *کوکسیلا بورنتی* از PCR هدفمند به توالی ژن IS1111 استفاده شد. DNA *کوکسیلا بورنتی* در ۱۹ نمونه از ۳۰۴ نمونه (۳ / ۶ درصد) وجود داشت (۱۳).

در سال ۲۰۲۱ محبتی مبارز و همکاران، به شناسایی *کوکسیلا بورنتی* در شیر خام حیوانات اهلی در ایران پرداختند. در این مطالعه در مجموع ۱۶۲ نمونه شیر از (گاو، گوسفند و بز) در سه استان تهران، مازندران و همدان با تکنیک RealTime – PCR مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که در نمونه‌های شیر بز ۱۰/۱۷ درصد، در نمونه‌های شیر گوسفند ۶/ ۱۸ درصد و در نمونه‌های شیر گاو ۱۵ درصد از نظر حضور *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۱۴).

در سال ۲۰۲۰ Mokarizadeh . K و همکاران در مطالعه‌ای، به تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در پنیر کوپه و شیر گاو در آذربایجان غربی پرداختند. در مجموع ۲۴۰ نمونه پنیر کوپه و ۵۶۰ نمونه شیر در سال ۲۰۲۰ جمع‌آوری شد. تمام نمونه‌ها تحت PCR بر اساس ژن قابل انتقال IS1111 قرار گرفتند. نتایج نشان داد که ۱۲،۵۰ درصد (با فاصله اطمینان ۹۵،۰۰درصد: ۹،۰۰ – ۱۶،۱۰ درصد) از نمونه‌های پنیر کوپه و ۱۳،۰۰ درصد (با فاصله اطمینان ۹۵،۰۰ درصد: ۱۰،۰۰ – ۱۷،۳۰درصد) از نمونه‌های شیر برای *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۱۵).

در سال ۲۰۱۸ رحمدل و همکاران در مطالعه‌ای به شناسایی *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های شیر مخزن بزرگ گاو با استفاده از PCR در شیراز، جنوب ایران پرداختند. در مجموع ۱۰۰ نمونه شیر مخزن بزرگ از ۲۰ گله لبنی سنتی و ۸۰ گله صنعتی در شیراز جمع‌آوری شد. سپس نمونه‌ها برای وجود ژن IS1111 با استفاده از روش PCR ارزیابی شدند. سه مورد از ۱۰۰ نمونه شیر خام (۳ درصد) آلوده به *کوکسیلا بورنتی* بودند. نرخ شیوع در گله‌های لبنی سنتی و صنعتی به ترتیب ۱۰ درصد (دو نمونه) و ۱/۲ درصد (یک نمونه) بود (۱۶).

حسین نوروزیان و همکاران در سال ۲۰۱۸ تشخیص *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های شیر نشخوارگنندکان با استفاده از PCR را انجام دادند. در مجموع، ۵۰۰ نمونه شیر خام از ۱۳۰ گاو، ۲۰۰ گوسفند و ۱۷۰ بز در فصول گرم و سرد از ۲۰ روستای منتخب در مناطق خرم‌آباد و نورآباد در استان لرستان، ایران جمع‌آوری شد. در مجموع ۹ نمونه شیر (۱/۸) درصد (۳ نمونه شیر گوسفند و ۶ نمونه شیر بز) از نظر حضور *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۱۷).

در سال ۱۳۹۵ لرستانی و همکاران در مطالعه‌ای، جستجوی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در شیر گوسفند به روش Nested-PCR در

شهرستان خرم‌آباد را انجام دادند. در این مطالعه درمجموعه ۷۲ نمونه شیر گوسفند، ۱۵ نمونه (۲۰/۸۳) درصد از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۱۸).

در سال ۱۳۹۴ خادمی و همکاران طی مطالعه‌ای، جستجوی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در شیر گاو به روش واکنش زنجیرهای پلیمراز آشیانه‌ای را انجام دادند. در مجموع ۸۰ نمونه شیر از ۸ مجتمع پرورش گاو شیری جمع آوری و از نظر حضور *کوکسیلا بورنتی* به روش Nested-PCR مورد آزمایش قرار گرفتند. که ۲۰ نمونه از ۸۰ نمونه شیر (۲۵ درصد) از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۱۹).

اعتمادی فرد و همکاران در سال ۱۳۹۴ به بررسی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در شیر خام و غیر پاستوریزه گاو در مراکز فروش لبنیات سنتی شهرستان خرم‌آباد پرداختند. در این بررسی ۹ نمونه از ۱۲۰ نمونه تانک‌های ذخیره شیر خام و غیر پاستوریزه گاو (۷/۵ درصد) از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت شدند (۲۰).

خادمی و همکاران در سال ۱۳۹۳ در مطالعه‌ای، جستجوی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در شیر گاو به روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای در شهرستان بناب را انجام دادند. در این مطالعه، در مجموع ۲۶ نمونه از ۱۲۰ نمونه شیر گاو (۲۱/۶۶) درصد از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۲۱).

در سال ۲۰۱۳، در مطالعه ای توسط خانزادی و همکارانبه روش (Touch-down PCR) در خراسان رضوی روی ۲۳ نمونه ی شیر گوسفند، ۸ نمونه (۳۴/۷۸) درصد مثبت بود (۲۲).

مطالعه مختلف نشان می‌دهند که شیوع تب کیو در جمعیت گوسفند و بز نسبتاً قابل توجه می‌باشد. بنابراین بایستی به‌عنوان یکی از عوامل احتمالی مسبب سقط در گوسفند و بز توسط دامپزشکان و سیاست گذاران بهداشتی مورد توجه قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

مجریان طرح بر خود واجب می‌دانند که از مساعدت و همکاری دانشگاه لرستان و عزیزانی‌که در مراحل نمونه‌گیری ما را یاری‌کردند تقدیر و تشکر به‌عمل آوردند.

تعارض منافع

هیچ گونه تعارض منافع توسط نویسندگان بیان نشده است.

منابع

1-Eldin C, Mélenotte C, Mediannikov O, et al. From Q fever to Coxiella burnetii infection: a paradigm change. Clin Microbiol Rev 2017; 30(1): 115-190.

2- Scheeberager. (2011). Q Fever Current state of knowledge and Perspectives of research of a neglected Zoonosis. *International Journal of Microbiology*, 10: 22-25.

3- Abdali F, Hosseinzadeh S, Berizi E, et al. Prevalence of Coxiella burnetii in unpasteurized dairy products using nested PCR assay. Iran J Microbiol. 2018;10:220-226.

4- Angelakis E, Raoult D. (2010). Q fever. *Journal Veterinary Microbiology*. 140: 297-309.

5- Doosti A, Arshi A, Sadeghi M. Investigation of Coxiella burnetii in Iranian Camels. Comp Clin Pathol 2014,23:43–6.

6- Norouzian H, Diali HG, Azadpour M, et al. PCR detection of Coxiella burnetii in milk samples of ruminants, Iran. J Med Bacteriol. 2018;7:31-35.

7- Khademi P, Mahzounieh M, Kotahmer ME. Genomic detection of Coxiella burnetii in cattle milk samples by Nested PCR method in Bonab, Iran. Arak Med Uni J. 2015;18:49-57. (Persian)

8- Guatteo, R., Beaudeau, F., joly, A. and Seegers, H. (2006). Shedding routs of Coxiella burnetii in dairy cows implications for detection and control. Veterinary Reserch, 37(6): 827-833

9-Barrie M. (2007). A guide to Q fever and Q fever Vaccination. *Medical Journal of Australia*, 186(4): 1-64

10- Fretz R, Schaeren W, Tanner M, *et al*. (2007). Screening of various foodstuffs for occurrence of *Coxiella burnetii* in Switzerland. *International Journal of Food Microbiology*, 116: 414–418

11- Boroujeni M, P, Gharib D, Gorani Nejad S, and colleagues (2013). Serological Prevalence of Coxiellosis in Sheep in Ahvaz, Iranian Veterinary Journal. Volume 9, Issue 1, pages 11-18.

12- Blanda, V.; Chiarenza, G.; Giacchino, I.; Migliore, S.; Di Bella, S.; La Russa, F.; Vaglica, V.; D'Agostino, R.; Arcuri, F.; Sciacca, C.; et al. Molecular and Serological Findings in Sheep During Two Coxiella burnetii Outbreaks in Sicily (Southern Italy). Animals 2024, 14, 3321. https:// doi.org/10.3390/ani14223321

13- Shujat S, Shehzad W, Anjum AA, Hertl JA, Gro¨hn YT, Zahoor MY (2024) Molecular

identification of Coxiella burnetii in raw milk samples collected from farm animals in districts Kasur and Lahore of Punjab, Pakistan. PLoS ONE 19(6): e0301611.

14- Mohabati Mobarez, A. Mostafavi, E. Khalili, M. Esmaeili, S. Identification of Coxiella burnetii in Raw Milk of Livestock Animal in Iran. International Journal of Microbiology

Volume 2021, Article ID 6632036, 5 pages.

15- Mokarizadeh. K, Ownagh. A, Tajik. H . Molecular detection of Coxiella burnetii in Kope cheese and cattle milk in West Azerbaijan, Iran. Veterinary Research Forum. 2023; 14 (5) 289 – 293

16- Rahmdel S, Moezzi MS, Azimzadeh N, Hosseinzadeh S. PCR Detection of Coxiella Burnetii in Bovine Bulk Tank Milk Samples in Shiraz, Southern Iran. Int J Nutr Sci 2018;3(4):198-201.

17- Norouzian H, Ghobadian Diali H, Azadpour M, Afrough P, Shakib P, Mosavi SM, Karami A, Goudarzi G. PCR Detection of Coxiella burnetii in Milk Samples of Ruminants, Iran. J Med Bacteriol. 2018; 7 (1, 2): pp.31-35.

18- Lorestani, S, Jaydari, A, Maleki, Sh, Khademi, P. Genomic detection of Coxiella burnetii in sheep milk samples by Nested-PCR method in Khorramabad, Iran. Journal of Food Science and Industries. Issue 56, Volume 13, Mehr 1395 (September-October 2016).

19- Khademi.P, Jaydari. A , Esmaeili. M . Genomic detection of Coxiella burnetii in cattle milk samples by Nested-PCR method, Iran. Iran J Med Microbiol: Volume 9, Number 2 (05-2015).

20- Etemadfar L, Shams N, Jaidari A. Genomic Detection of Coxiella burnetii in Raw and Unpasteurized Cow Milk of Traditional domestic dairy products Vendors in Khorramabad, Lorestan Province in 2015. Yafte. 2017; 19(2): 41-49.

21- Khademi. P, Mahzounieh. M, Kotahmer. ME. Genomic Detection of Coxiella burnetii in Cattle Milk Samples by Nested-PCR method in Bonab, Iran. Arak Medical University Journal (AMUJ). 2015; 18(97): 49-57.

22- khanzadi S, Jamshidi A, Razmyar J, Borji SH. (2012). Identification of Coxiella burnetti in bovine bulk milk samples in Southern Iran. Com Clin Pathol. dori : 10.1007/s00580-1406-9

23- Zhang G, Nguyen S, Ogawa M, *et al*. (1998). Clinical evaluation of a new PCR assay for detection of *Coxiella burnetii* in human serum samples. *Journal of Clinical Microbiology*, 36: 77-80.