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

Genomic Detection for *Coxiella burnetii* in sheep milk samples from Khorramabad and Pol-e Dokhtar, Lorestan Province

Negin Faraji[1], Mahmood Mohammadi[1]

1. Department of Microbiology and Food Hygiene, Faculty of Veterinary, Lorestan University, Khorramabad, Iran.

ABSTRACT

Background and Aim: The present study was conducted to molecularly search for *Coxiella burnetii* in raw milk samples collected from cows in western Iran (Lorestan Province).

Materials and Methods: This was a cross-sectional and descriptive study. A total of 150 milk samples were collected from sheep herds in the regions of Khoramabad and Poldokhtar in Lorestan Province. In the winter of 1400, a series of milk samples were collected, with the geographical area and the age of the animals being recorded. Extraction of deoxyribonucleic acid (DNA) was conducted from all samples of milk. Subsequently, the nested-PCR reaction was utilized for the detection of *C. burnetii*, with the *IS1111* transposon gene serving as the diagnostic target.

Results: The results obtained from the *IS1111* transposon amplification assay revealed that 95% of the examined milk samples (with a 95% confidence interval of 0.7-55%) were from a genome infected with *C. burnetii*. There was no significant difference in the excretion of *C. burnetii* in milk between the Pol-e Dokhtar and Khorramabad regions.

Conclusion: The present study has demonstrated that sheep milk can be regarded as a significant source of transmission for the bacterium *C. burnetii* to subsequent hosts. It is imperative to acknowledge the considerable persistence of *C. burnetii*, attributable to its spore-like form, in order to fully comprehend the gravity of the risk posed by its transmission via raw milk and unpasteurized dairy products. Consequently, sheep milk should be regarded as a significant element in the epidemiology of Q fever and public health in Pol-e Dokhtar and Khorramabad regions of Lorestan province.

Keywords:

Received: 09.10.2025 **Accepted: 23.10.2025** **Final Edit: 03.12.2025** **Online Publish: 30.12.2025**

Corresponding Information: Department of Microbiology and Food Hygiene, Faculty of Veterinary Medicine, Lorestan University, Khorramabad, Iran. Email: frjyngyn73@gmail.com

Cite this article: Faraji, Negin; Mohammadi, Mahmood. (2025). Genomic Detection for *Coxiella burnetii* in sheep milk samples from Khorramabad and Pol-e Dokhtar, Lorestan Province. *Animal health and infectious diseases*. 2(2), 62-70.

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

جست‌وجوی ژنومی *کوکسیلابورنتی* در نمونه‌های شیر گوسفندان خرم‌آباد و پلدختر، استان لرستان

نگین فرجی[۱]، محمود محمدی[۱]

۱. گروه میکروبیولوژی و بهداشت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم آباد، ایران.

چکیده

زمینه و هدف: پژوهش حاضر به‌منظور جست‌وجوی مولکولی *کوکسیلابورنتی* در نمونه‌های شیر خام جمع‌آوری‌شده از گاوها در سطح غرب ایران (استان لرستان) انجام شده است.

مواد و روش ها: این پژوهش به‌صورت مقطعی و توصیفی انجام شده است. تعداد کلی ۱۵۰ نمونه شیر به‌طور تصادفی از گله‌های گوسفند متعلق مناطق (خرم‌آباد، پلدختر) استان لرستان جمع‌آوری شد. نمونه‌های شیر در فصل زمستان سال ۱۴۰۰ براساس منطقهٔ جغرافیایی جمع‌آوری و همچنین سن حیوانات ثبت شد. از همهٔ نمونه‌های شیر DNA استخراج شد. سپس برای تشخیص *کوکسیلابورنتی* براساس ژن ترانسپوزونی *IS1111* از واکنش Nested-PCR استفاده شد.

یافته ها: نتایج به‌دست‌آمده از تکثیر ترانسپوزونی *IS1111* نشان داد که ۴ نمونه (۹۵ درصد CI: ۵۵– ۰/۷ درصد) از نمونه‌های شیر مورد بررسی، از ژنومی آلوده به *کوکسیلابورنتی* بودند. تفاوت معنی‌داری در دفع *کوکسیلابورنتی* در شیر، بین مناطق پلدختر و خرم‌آباد وجود نداشت.

نتیجه گیری: براساس یافته‌های این پژوهش می‌توان به این نتیجه رسید که شیر گوسفند را می‌توان یکی از منابع مهم انتقال باکتری *کوکسیلابورنتی* به میزبان‌های بعدی در نظر گرفت. بنابراین، به‌دلیل ماندگاری بالای *کوکسیلابورنتی* به‌علت وجود فرم شبه‌اسپور، خطر انتقال *کوکسیلابورنتی* ازطریق شیر خام و محصولات لبنی پاستوریزه‌نشده قابل‌اغماض نیست. بنابراین، شیر گوسفند باید یک عامل مهم در اپیدمیولوژی تب کیو و سلامت عمومی در مناطق پلدختر و خرم‌آباد استان لرستان در نظر گرفته شود.

کلیدواژه ها: شیر، گوسفند، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای، *کوکسیلابورنتی*

دریافت: ۱۴۰۴/۰۷/۱۷ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۸/۰۱ ویرایش نهایی: ۱۴۰۴/۰۹/۱۲ انتشار آنلاین: ۱۴۰۴/۱۰/۰۹

اطلاعات نویسنده مسئول: نگین فرجی، گروه میکروبیولوژی و بهداشت مواد غذایی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران.

Email: frjyngyn73@gmail.com

استناد: فرجی، نگین؛ محمدی، محمود (۱۴۰۴). جست‌وجوی ژنومی *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های شیر گوسفندان خرم‌آباد و پلدختر، استان لرستان. *بهداشت و بیماری های عفونی دام*، ۲ (۱)، ۶۲–۷۰.

مقدمه

تب کیو نخستین‌بار در سال ۱۹۳۷ شناسایی شد و اکنون به‌عنوان بیماری مشترکی میان انسان و دام شناخته می‌شود که در بسیاری از نقاط جهان گسترده شده است. تشخیص و شناسایی این بیماری به‌دلیل علائم غیرمخصوص و چالش‌های موجود در تشخیص آن، اغلب مشکل است. عامل ایجادکنندهٔ این بیماری باکتری‌ای به نام کوکسیلابورنتی است که درون سلول‌های بدن فعالیت می‌کند. عفونت در انسان معمولاً ازطریق استنشاق باکتری‌های موجود در هوا روی می‌دهد. این بیماری به‌دلیل شباهت علائمش با بسیاری از بیماری‌های دیگر، به دقت و توجه بیشتری در تشخیص نیاز دارد و می‌تواند به‌راحتی نادیده گرفته شود. با توجه به اینکه کوکسیلابورنتی یک پاتوژن قوی است، مقابله و پیشگیری از انتشار آن اهمیت بسیاری دارد (۱). کوکسیلابورنتی، به‌عنوان عامل اصلی تب کیو، به‌طور عمده در نشخوارکنندگان مانند گاو، گوسفند و بز یافت می‌شود، اما این باکتری می‌تواند بسیاری از گونه‌های مهره‌داران دیگر نظیر حیات وحش، پستانداران دریایی، حیوانات اهلی، پرندگان و خزندگان را نیز آلوده کند. در تحقیقی که رائوت و همکارانش در سال ۲۰۰۰ انجام دادند، مشخص شد که ۴۷۷ مورد از تب کیو در فرانسه به‌علت مصرف پنیر غیرپاستوریزه رخ داده است. مقایسهٔ آماری نشان می‌دهد که در سال ۲۰۰۸، تعداد ۱۶۷ مورد تب کیو ثبت شده است، درحالی‌که این تعداد در سال ۲۰۰۰ تنها ۱۷ مورد بود. بزرگ‌ترین شیوع تب کیو در بازهٔ زمانی ۲۰۰۱ تا ۲۰۰۷ اتفاق افتاد و طی آن ۴۰۰۰ نفر مبتلا شدند. همچنین، پژوهشی در سال ۲۰۱۱ نشان داد که در ایالت میشیگان آمریکا، ۵ نفر، پس از مصرف شیر خام، به تب کیو مبتلا شدند. این یافته‌ها بر اهمیت کنترل و پایش محصولات لبنی و فرآورده‌های خام در پیشگیری از انتقال بیماری تأکید می‌کند (۲). ارتباط مستقیم با حیوانات می‌تواند برای مسئولان بهداشتی در تشخیص بیماری تب کیو کمک‌کننده باشد. اما اگر با دام‌ها تماسی نداشته باشند، باید به احتمال انتقال کوکسیلابورنتی ازطریق هوا و ابتلا به تب کیو از راه تنفسی توجه کرد. بنابراین، برای فهم دقیق‌تر شیوع کوکسیلابورنتی در منطقهٔ لرستان، نیاز است تا سویه‌های موجود در گاو و محصولات لبنی با موارد انسانی مقایسه شده و خطرات مصرف شیر خام گاو برای مردم ارزیابی شود. با اینکه اطلاعات جهانی دربارهٔ تب کیو محدود است، اما بررسی گسترده‌تر این موضوع می‌تواند کمک شایانی به درک بهتر و کنترل بیماری کند. درنتیجه، تحقیقات بیشتری برای شناسایی دقیق‌تر این باکتری و نحوهٔ انتقال آن به انسان ضروری است (۲). بیماری تب کیو به‌دلیل قابلیت سرایت بالا و کنترل سخت در جمعیت دامی، به‌عنوان یک بیماری مشترک بین انسان و حیوان شناخته می‌شود که می‌تواند به‌سرعت به‌شکل اپیدمی گسترش یابد. این بیماری در انسان عفونت‌هایی ایجاد می‌کند که اغلب بدون علائم مشخص هستند. در ایران، به‌علت سبک زندگی سنتی و مصرف گسترده محصولات لبنی محلی مانند پنیر لیقوان در تبریز، دوغ شتر در گلستان، کرهٔ محلی در خراسان و پنیر کوزه در کردستان و آذربایجان غربی، خطر انتقال این بیماری بیشتر است. بسیاری از این محصولات با روش‌های سنتی و حرارت‌دهی کم یا بدون‌حرارت تولید می‌شوند که می‌توانند زمینه‌ساز انتقال بیماری باشند. این مسئله اهمیت بالایی در سلامت عمومی دارد، به‌ویژه در مناطقی که تولید و مصرف این‌گونه محصولات لبنی رایج است (۱)، این محصولات می‌توانند به‌عنوان یکی از عوامل اصلی انتقال این باکتری به انسان باشند و تهدیدی برای امنیت غذایی جامعه باشند. این مطالعه با هدف اصلی تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های شیر گوسفند با روش Nested-PCR در مناطق پلدختر و خرم‌آباد استان لرستان انجام شده است.

روش کار

جمع‌آوری نمونه‌های شیر

این مطالعه که به‌صورت توصیفی و مقطعی در فصل زمستان سال ۱۴۰۰ انجام گرفت، شامل جمع‌آوری ۱۵۰ نمونه شیر گوسفند از شهرستان‌های خرم‌آباد و پلدختر در استان لرستان بود. برای دریافت نمونه‌ها، ابتدا سرپستانک‌های گوسفندان با الکل ۷۰ درصد به‌دقت ضدعفونی شدند. سپس، چند قطرهٔ ابتدایی شیر دور ریخته شد و ۱۵ میلی‌لیتر از شیر میانی در لوله‌های استریل فالکن جمع‌آوری شد. نمونه‌ها در کنار یخ درون جعبه‌های مخصوص قرار داده شد و به آزمایشگاه میکروبیولوژی دانشکدهٔ دام‌پزشکی انتقال یافت تا مورد بررسی قرار گیرد.

شهرستان	تعداد نمونه گرفته‌شده
خرم آباد	۷۵
پلدختر	۷۵
جمع کل نتایج	۱۵۰

جدول ۱) تعداد نمونه‌های شیر جمع‌اوری‌شده براساس منطقهٔ جغرافیایی

استخراج DNA از شیر

برای استخراج DNA از شیر، از کیت استخراجی که شرکت فاورژن در

تایوان تولید کرده است، طبق دستورکارهای ارائه‌شدهٔ شرکت استفاده شد. DNA به‌دست‌آمده تا زمان انجام فرآیند PCR در دمای منفی ۲۰ درجه سانتی‌گراد نگهداری و منجمد شد. این روش به‌دلیل کارآمدی و دقت بالا، معمولاً در آزمایشگاه‌ها برای جداسازی مواد ژنتیکی از نمونه‌های مختلف به‌کار می‌رود و اهمیت ویژه‌ای دارد. نگهداری DNA در شرایط مناسب نیز از اهمیت زیادی برخوردار است تا کیفیت و یکپارچگی آن حفظ شود و در مراحل بعدی آزمایش‌ها با دقت بیشتری انجام گیرد..

بررسی DNA استخراج‌شده

برای اطمینان از صحت روش استخراج و سنجش غلظت DNA، به‌صورت تصادفی جذب نوری ۱۰ نمونهٔ استخراج‌شده، به‌وسیلهٔ دستگاه نانودراپ در طول موج ۲۶۰ نانومتر اندازه‌گیری شد. همچنین نسبت جذب نوری ۲۸۰ به ۲۶۰ تعیین شد تا میزان خلوص DNA نسبت‌به پروتئین نیز ارزیابی شود. این فرایند به ما کمک می‌کند تا دقت و صحت نتایج استخراج DNA را بسنجیم و از کارآمدی روش‌های به‌کاررفته اطمینان حاصل کنیم. این اقدام، به‌ویژه برای اطمینان از کیفیت نمونه‌ها و دقت در اندازه‌گیری‌ها ضروری است تا بتوانیم به نتایج قابل‌اعتمادی دست یابیم.

پی‌سی‌آر معمولی و تاچ‌دون پی‌سی‌آر

در ابتدای فرایند، از روش پریسی و همکاران (۲۰۰۶) استفاده شد. برای انجام مرحلهٔ اول واکنش PCR، مواد موردنیاز با غلظت‌های بهینه در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر به‌کار رفتند. در این فرایند، پنج میکرولیتر DNA الگو (هر واکنش حاوی ۱۰ نانوگرم DNA الگو)، یک میکرولیتر از هر پرایمر با غلظت ۲۵ میکرومولار (Trans1 و Trans2) و ۱۲/۵ میکرولیتر مسترمیکس آماده استفاده شد. سپس، ۵٫۵ میکرولیتر آب‌مقطر به هر نمونه اضافه شد. در مرحلهٔ Trans-PCR، برای بهینه‌سازی فرایند، کاهش آلودگی‌ها و حذف عوامل ممانعت‌کننده و همچنین افزایش اختصاصیت و حساسیت واکنش، از روش تاچ‌داون PCR بهره گرفته شد که برنامه دمایی آن در جدول ۵-۳ آورده شده است. در این پژوهش، کنترل مثبت از سویهٔ استاندارد *کوکسیلابورنتی* Coxiella burnetii standard Nine Mile strain (RSA 493) که از دانشکدهٔ دامپزشکی دانشگاه ارومیه تهیه شده بود، استفاده شد و آب‌مقطر به‌عنوان کنترل منفی به‌کار رفت (۴).

غلظت مورد در هر واکنش	محصول PCR (جفت باز)	سکانس ۵′----------۳′	نام پرایمر	پروتکل
۲۵ میکرومولار	۶۸۷	TATGTATCCACCGTAGCCAGTC	Trans 1	Trans-PCR
		CCCAACAACACCTCCTTATTC	Trans 2	
	۲۰۳	GAGCGAACCATTGGTATCG	261F	nested-PCR
		CTTTAACAGCGCTTGAACGT	463R	

جدول ۲) پرایمرهای به‌کاررفته در روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای برای شناسایی ژن IS1111 (۳).

تعداد چرخه	زمان	دما	مرحله	
۱	۲ دقیقه	۹۵	واسرشت‌سازی اولیه	
۵	۳۰ ثانیه	۹۴	واسرشت‌سازی	Touchdown PCR
	۱ دقیقه	۶۶-۶۱	چسبیدن پرایمر	
	۱ دقیقه	۷۲	توسعه	
۳۵	۳۰ ثانیه	۹۴	واسرشت‌سازی	Normal PCR
	۳۰ ثانیه	۶۱	چسبیدن پرایمر	
	۱ دقیقه	۷۲	توسعه	
۱	۱۰ دقیقه	۷۲	توسعهٔ نهایی	

جدول ۳) برنامه و سیکل‌های دمایی PCR برای شناسایی ژن IS1111 (۳).

مرحلهٔ Nested-PCR

برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز آشیانه‌ای، روش پریسی و همکاران به‌کار گرفته شد. در PCR مرحلهٔ دوم، از پرایمرهای F۲۶۱ و R۴۶۳ استفاده شد. تمامی شرایط ازجمله ترکیب واکنش‌گرها به‌جز برنامهٔ دمایی مشابه مرحلهٔ اول بود، اما با این تفاوت که ۲٫۵ میکرولیتر از محصول PCR مرحلهٔ اول به‌عنوان الگوی DNA استفاده شد که به‌نسبت ۱ به ۱۰۰ رقیق و به مخلوط واکنش اضافه شد. همچنین، در هر سری آزمایش‌ها، کنترل‌های مثبت و منفی به‌کار گرفته شدند. در مرحلهٔ دوم PCR آشیانه‌ای، محصول مرحلهٔ اول به‌نسبت ۱ به ۱۰۰ رقیق شد؛ یعنی ۱ میکرولیتر از محصول PCR در ۹۹ میکرولیتر آب‌مقطر حل شد. تمامی شرایط این مرحله، ازجمله ترکیب واکنش‌گرهای PCR و برنامهٔ زمانی و دمایی براساس جدول ۴ اجرا شد.

تعداد چرخه‌ها	زمان	دما (°C)	مرحله
۱	۳ دقیقه	۹۴	واسرشت‌سازی اولیه
۳۵	۳۰ ثانیه	۹۴	واسرشت‌سازی
	۴۵ ثانیه	۵۴	چسبیدن پرایمر
	۱ دقیقه	۷۲	توسعه
۱	۱۰ دقیقه	۷۲	توسعهٔ نهایی

جدول ۴) برنامه و سیکل‌های دمایی واکنش پلیمراز آشیانه‌ای جهت شناسایی ژن IS1111 (۳).

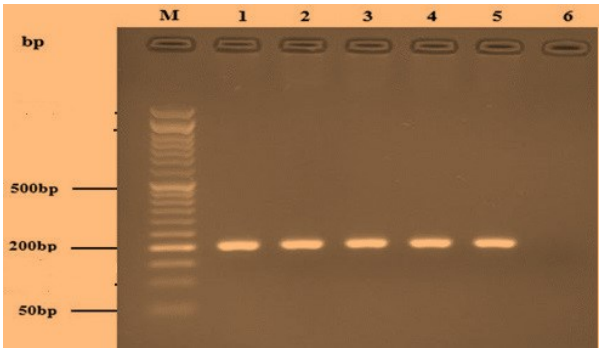
یافته‌ها و بحث

نتایج آزمایش Touchdown Nested-PCR در شیر گاو

در این مطالعه از مجموع ۱۵۰ نمونه شیر ۴ نمونه (۲/۶۶ درصد) ازنظر

وجود کوکسیلابورنتی مثبت بود. (جدول ۱). نتایج براساس مناطق موردمطالعه در استان لرستان را نشان می‌دهد.

شهرستان	خرم‌آباد	پلدختر	جمع کل نتایج
تعداد نمونه	۷۵	۷۵	۱۵۰
تعداد مثبت	۲/۶۶ درصد	۲/۶۶	۲/۶۶ درصد



شکل ۱: آزمایش Nested-PCR شیر گاو
چاهک M مارکر (۵۰ جفت بازی)، چاهک‌های ۱، ۲، ۳ و ۴ نمونه‌های مثبت، چاهک ۵ کنترل مثبت، چاهک ۶ کنترل منفی.

نتایج آزمایش Touchdown Nested-PCR در شیر گوسفند براساس منطقهٔ جغرافیایی

در مطالعه‌ای که برروی ۱۵۰ نمونه شیر از مناطق خرم‌آباد و پلدختر انجام شد، مشخص شد که تنها ۴ نمونه آلوده بودند. نتایج این تحقیق نشان داد که تفاوت معناداری بین میزان آلودگی شیر و نوع منطقهٔ جغرافیایی در استان لرستان وجود ندارد. بنابراین، می‌توان به این نتیجه رسید که موقعیت جغرافیایی تأثیر قابل‌توجهی بر میزان عفونت ناشی از کوکسیلابورنتی و انتقال آن ازطریق شیر در گوسفندان این استان ندارد. این یافته‌ها نشان می‌دهد که عوامل دیگری نیز باید بررسی شوند تا علل اصلی آلودگی شناسایی شوند.

بحث

تب کیو به‌عنوان بیماری نوظهور و درحال‌بازگشتی که بین انسان و حیوان مشترک است، در بسیاری از کشورها، ازجمله ایران به موضوعی جدی تبدیل شده است. این بیماری که اغلب برای افراد شاغل در حوزه‌های مرتبط با حیوانات و محصولات آن‌ها بیشتر دیده می‌شود، به‌دلیل توانایی بالای عامل بیماری‌زا در بقا در محیط و انتقال ازطریق هوا، می‌تواند سایر افراد جامعه را نیز آلوده کند. به همین دلیل، امروزه به‌عنوان یکی از چالش‌های مهم بهداشت عمومی و سلامت انسان محسوب می‌شود (۵، ۶).

تب کیو تأثیر زیادی بر سلامت عمومی در زمان شیوع دارد و این بیماری پیاپی از نقاط مختلف جهان گزارش می‌شود. معمولاً شیوع این بیماری به مناطق جغرافیایی خاصی محدود می‌شود و به‌صورت بومی رخ می‌دهد. گوسفند، بز، گاو و گاومیش منابع اصلی انتشار این باکتری، در بسیاری از شیوع‌های ثبت‌شده شناخته می‌شوند. ازاین‌رو، برای شناسایی منبع و تأیید ارتباط این باکتری با بیماری انسان، بهتر است از روش‌های ژنوتیپ‌سازی گونه‌های *کوکسیلابورنتی* استفاده شود.

مطالعات سرولوژی و مولکولی نشان داده‌اند که تب کیو در حیوانات ایران به‌وضوح دیده می‌شود. نقش مهم نشخوارکنندگان در انتقال این بیماری کاملاً مشخص است و دفع باکتری *کوکسیلابورنتی* ازطریق شیر، خطراتی را در مصرف شیر خام گاو به‌همراه دارد. با وجود این، اطلاعات کافی برای ارزیابی خطر ناشی از مصرف پنیر در دسترس نیست. با توجه به مقاومت بالای کوکسیلابورنتی در برابر دماهای مختلف و فرایند تولید و فرآوری پنیرها، می‌توان گفت که مصرف پنیر تهیه‌شده از شیر خام یا غیرپاستوریزه می‌تواند منجربه عفونت در انسان‌ها شود. این موضوع نیازمند بررسی بیشتری است تا خطرهای مرتبط با مصرف این محصولات به‌طور دقیق‌تری مشخص شود. پیشگیری از عفونت با کنترل و نظارت دقیق بر فرایند تولید محصولات لبنی و اطمینان از پاستوریزه بودن شیر می‌تواند به کاهش این خطرات کمک کند (۷, ۸).

در بررسی‌های انجام‌شده در نقاط مختلف ایران، میزان آلودگی در نمونه‌های شیر بین ۰ تا ۴۸ درصد متغیر بود. در برخی مناطق خاص، مانند چهارمحال و بختیاری در مرکز، جهرم در جنوب، آذربایجان غربی، بناب در شمال‌غرب و خوزستان در جنوب‌غرب، این درصدها به ترتیب ۶/۲، ۱۱، ۱۶/۹، ۲۶ و ۱/۱ درصد گزارش شده است. همچنین، تحقیقاتی که خادمی و همکاران در سال ۲۰۲۰ با استفاده از روش Nested-PCR انجام دادند، نشان داد که آلودگی در شیر گوسفند و بز به ترتیب ۷/۶ و ۱۶/۶ درصد بوده است. این داده‌ها نشان‌دهندهٔ تنوع بالای میزان آلودگی در مناطق مختلف و انواع مختلف شیر است و اهمیت بررسی‌های گسترده‌تر و دقیق‌تر را در این زمینه برجسته می‌سازد (۷, ۹–۱۱).

طبق مطالعات انجام‌شده در جهان میزان شیوع *کوکسیلا بورنتی* در شیر گاو با روش PCR ۵۶/۶ درصد گزارش شده است (۱۲). در مطالعه‌ای که در کشور ترکیه انجام شد، ۳/۵ درصد از ۴۰۰ نمونه شیر از ۲۳ گلهٔ گوسفند برای *کوکسیلابورنتی* مثبت گزارش شد (۱۳). در مطالعهٔ دیگری که در سال ۲۰۱۰ در ایالات متحده انجام شد، از ۲۱ نمونه شیر، ۹ نمونه برای *کوکسیلابورنتی* مثبت گزارش شد (۱۴). همچنین نتایج

مشابهی در شیر گوسفند به روش Nested-PCR، از ترکیه (۴ درصد)، مجارستان (۴ درصد)، فرانسه (۱۹ درصد) و اسپانیا (۲۲ درصد) گزارش شده است (۱۵).

مهم‌ترین دلایلی که می‌تواند برای تفاوت گزارش‌شده در شیوع *کوکسیلابورنتی* در محصولات لبنی مناطق مختلف جهان آورد، تنوع در آب و هوا و مناطق جغرافیایی، نحوهٔ بررسی، نوع و تعداد نمونهٔ موردمطالعه و فصلی که نمونه‌گیری انجام شده است (۱۶–۱۹).

طبق مطالعه‌ای که در سال ۲۰۰۷ در سوئد انجام شد از ۳۵۹ نمونه شیر گاو جمع‌آوری‌شده از کارخانه‌های تولید پنیر، ۱۷ نمونه (۷/۴ درصد) به *کوکسیلابورنتی* آلوده بودند (۲۰). مطالعه‌ای که از سال ۲۰۱۳ انجام شد، *کوکسیلا بورنتی* زنده را در محصولات لبنی (پنیر و شیر غیرپاستوریزه) به روش Nested-PCR جداسازی کردند (۲۱).

تشخیص ندادن DNA *کوکسیلابورنتی* در گله‌ها می‌تواند به این دلیل باشد که ارگانیسم برای مدت محدودی، پس از زایمان، در شیر حیوانات عفونی دفع می‌شود، به عبارت دیگر، PCR منفی بودن نمونه‌ها ممکن است به‌علت عفونت قبلی با *کوکسیلابورنتی* بدون‌دفع ارگانیسم در زمان نمونه‌گیری باشد. همچنین ممکن است که در زمان نمونه‌گیری از گله‌ها، باکتری در سایر ارگان‌ها غیراز پستان مستقر شده باشد. با این حال، ادامهٔ پایش این گله‌ها در درازمدت برای تشخیص DNA *کوکسیلابورنتی* مفید است.

با توجه به اینکه شیر موردبررسی در این مطالعه فقط از گاو گرفته شده، مقایسهٔ نتایج مطالعهٔ حاضر با مطالعات دیگران مشکل است:

با توجه به اینکه تعداد نمونه‌های شیر موردآزمایش در این مطالعه به‌منظور تخمین شیوع عفونت در گله‌های گاو کم است؛ همین علت ممکن است باعث تخمین بیش‌ازحد واقعی شیوع عفونت شود. در مطالعه هدف اصلی فقط جست‌وجوی ژنومی کوکسیلابورنتی در گله‌های موردمطالعه بوده، نه شیوع عفونت کوکسیلابورنتی. با این حال، شیوع عفونت کوکسیلابورنتی در شیر مخزن به‌وسیلهٔ PCR در سایر کشورها نیز بررسی شده است. در مطالعه‌ای که فرتز و همکاران (۲۰۰۷) در کشور سوئیس و همچنین واندن بروم و همکاران (۲۰۱۲) در هلند روی شیر انجام دادند، مشابه مطالعهٔ رحیمی و همکاران (۲۰۱۰) در استان چهارمحال و بختیاری، هیچ‌یک از گله‌های گوسفند در آزمایش PCR مثبت نبود. هرچند در مطالعه‌ای که در ایالت باسک اسپانیا انجام شد، ۲۲ درصد شیر گله‌های گوسفند در آزمایش PCR مثبت بود. در مطالعهٔ دیگری در سوئیس، هیچ‌یک از ۳۹ نمونهٔ شیر بزها مثبت نبوده‌اند. در ایران در مطالعهٔ رحیمی و همکاران (۲۰۱۰) در استان چهار محال و بختیاری، فقط یکی از ۵۶ نمونه شیر مخزنی ۲۰ گلهٔ بز با PCR مثبت بود. با این حال، به نظر می‌رسد بزها نسبت‌به تب کیو حساس‌ترند و مخزن مهم‌تری از *کوکسیلابورنتی* بوده و می‌توانند نقش بیشتری در انتشار بیماری ایفا کنند. درنهایت با توجه به اینکه در این مطالعه گونه‌های مختلف حیوانانی مطالعه نشده‌اند و نمی‌توان مقایسه ازنظر نوع دام انجام داد، ولی مهم این است که DNA کوکسیلابورنتی در گله‌های مشکوک به تب کیو تشخیص داده شده است (۲۲–۲۵). در مطالعهٔ اعتمادفر و همکاران (۲۰۱۷)، از مجموع ۱۲۰ نمونه شیر تانک‌های ذخیرشدهٔ شیر خام گاو و غیرپاستوریزه به روش Nested-PCR، ۹ نمونه (۵/۷ درصد) ازنظر *کوکسیلابورنتی* مثبت بودند (۲۶).

تفاوت در شیوع *کوکسیلابورنتی* در شیر مناطق مختلف می‌تواند به عوامل متعددی مانند نوع میزبان، فصل و موقعیت جغرافیایی، روش‌های آزمایشگاهی، و نوع و نحوهٔ نمونه‌گیری بستگی داشته باشد. در گاوهایی که علائم بالینی ندارند، این باکتری به‌طور عمده ازطریق شیر دفع می‌شود و این فرایند ممکن است ماه‌ها ادامه یابد و به‌صورت متناوب رخ دهد، که باعث می‌شود این ارگانیسم در محیط باقی بماند. به همین دلیل، گاوهایی که علائمی نشان نمی‌دهند، می‌توانند به‌عنوان منبع پنهانی انتقال بیماری عمل کنند. همچنین، فصل‌های مختلف نیز می‌توانند بر شیوع عفونت *کوکسیلابورنتی* در حیوانات تاثیر بگذارند. برای نمونه، در ژاپن بسیاری از موارد تب کیو در فصل زمستان گزارش شده است، درحالی‌که در آلمان شیوع این بیماری بیشتر در تابستان و در قبرس در فصل پاییز مشاهده شده است. این نشان می‌دهد که شرایط محیطی و زمانی می‌توانند نقش مهمی در انتقال و شیوع این بیماری ایفا کنند.

براساس پژوهش انجام‌شدهٔ استین و همکاران (۲۰۱۳)، نمونه‌های شیر بز، براساس ژن Com1، غلظت ژنومی *کوکسیلابورنتی* را بین $۱*۱۰^{۲}$ تا $۱*۱۰^{۶}$ باکتری *کوکسیلابورنتی* در میلی‌لیتر تخمین زده شده است. درحالی‌که این غلظت در نمونه‌های شیر گاو براساس ژن *IS1111*، $۱*۱۰^{۱}$ تا $۱*۱۰^{۴}$ تخمین زده شده است. بنابراین یکی از دلایل اختلاف بین میزان آلودگی و شیوع *کوکسیلابورنتی* می‌توان انتخاب نوع ژن هدف در مطالعات انجام‌شده و نوع دام یا حیوان مطالعه‌شده باشد (۲۷).

کوکسیلابورنتی به‌دلیل قابلیت تبدیل به فرم شبه‌اسپور، توانایی بقا و مقاومت بالایی دارد (۲۸). در فرایند تولید محصولات لبنی سنتی مانند

پنیر، معمولاً از حرارت‌دهی و پاستوریزاسیون استفاده نمی‌شود. بنابراین، خطر انتقال کوکسیلابورنتی به انسان ازطریق مصرف شیر و محصولات لبنی غیرپاستوریزه مانند پنیرهای سنتی، نباید نادیده گرفته شود. این موضوع نشان‌دهندهٔ اهمیت بالای پایبندی به روش‌های بهداشتی در تهیه و مصرف فرآورده‌های لبنی است تا از سلامت مصرف‌کنندگان حفاظت شود.

نتیجه‌گیری

نتایج پژوهش‌ها حاکی از آن است که شیر گوسفند نقشی کلیدی در گسترش بیماری *کوکسیلا بورنتی* یا تب کیو در استان لرستان ایفا می‌کند. با تأیید آلودگی شیر گوسفند، این شیر می‌تواند به‌عنوان یکی از مهم‌ترین منابع انتقال این بیماری به انسان در این منطقه شناخته شود. این یافته‌ها ضرورت انجام تحقیقات جامع‌تر و تدوین راهکارهایی برای ارزیابی سطح آلودگی در مناطق مختلف کشور را روشن می‌سازد تا از گسترش این بیماری پیشگیری و کنترل مؤثری صورت گیرد. بنابراین، مطالعات گسترده‌تر و اقدامات پیشگیرانهٔ به‌موقع برای مدیریت و کاهش خطرات احتمالی امری ضروری به نظر می‌رسد.

تقدیر و تشکر

نویسندگان از دانشگاه لرستان و همکاران، به‌خاطر جمع‌آوری نمونه‌های این تحقیق، تشکر و قدردانی می‌کنند.

منابع

1. Sarbazi M, et al., 2015. Effect of pasteurization and packaging on the physicochemical and sensory properties of pot (kope) cheese. *Journal of Food Research*, 507-517.

۲. Raoult D, 2012. Chronic Q fever: expert opinion versus literature analysis and consensus. *Journal of Infection*, 65(2):102-8.

3. Parisi A, et al., 2006. Diagnosis of Coxiella burnetii-related abortion in Italian domestic ruminants using single-tube nested PCR. *Veterinary microbiology*, 118.1-2: 101-106.

4. Philip CB, 1948. Comments on the name of the Q fever organism. *Public Health Reports*, 63 (2).

5. Hirai A, et al., 2012 Development of a method for detecting Coxiella burnetii in cheese samples. *Journal of Veterinary Medical Science*, 74(2):175-80.

6. Reichel R, et al., 2012. Description of a Coxiella burnetii abortion outbreak in a dairy goat herd, and associated serology, PCR and genotyping results. *Research in veterinary science* ,

7. Rozental T, et al., 2020. First molecular detection of Coxiella burnetii in Brazilian artisanal cheese: a neglected food safety hazard in ready-to-eat raw-milk product. *Brazilian Journal of Infectious Diseases* 24:208-12.

8. KHalili M, et al., 2010. Q fever a forgotten disease in Iran. *Journal of Kerman University of Medical Sciences*, 17(1):93-7.

9. Rahimi E, et al., 2010. An assay to determine the seasonal prevalence of Coxiella burnetii in cow milk using nested PCR. *Journal of Microbial World*, 3(1):56-62.

10. Khanzadi S, et al., 2014. Identification of Coxiella burnetii by touch-down PCR assay in unpasteurized milk and dairy products in North-East of Iran. *Iranian Jouranl of Veterinary Medicine*, 8:15-9.

11. Khademi P, et al., 2014. Genomic detection of Coxiella burnetii in goat milk samples in animal farms Khorramabad Township, Iran. *Pajoohandeh Journal*, 19(3):162-8.

12. Muskens J, et al., 2011. Prevalence of Coxiella burnetii infection in Dutch dairy herds based on testing bulk tank milk and individual samples by PCR and ELISA. *Veterinary Record*, 168(3):79-79.

13. Öngör H, et al., 2004. Detection of Coxiella burnetii by immunomagnetic separation-PCR in the milk of sheep in Turkey. *Veterinary record*, 154(18):570-2.

14. Loftis AD, et al., 2010. Detection of Coxiella burnetii in commercially available raw milk from the United States. *Foodborne pathogens and disease*, 7(12):1453-6.

15. Cerf O, Condron R, 2006. Coxiella burnetii and milk pasteurization: an early application of the precautionary principle? *Epidemiology & Infection*, 134(5):946-51.

16. Kim SG, et al., 2005. Coxiella burnetii in bulk tank milk samples, United States. *Emerging infectious diseases,* 11(4):619.

17. Maurin M, Raoult Df. 1999. Q fever. *Clinical microbiology reviews*, 12(4), 518-553.

18. Rahimi E, et al., 2010. An assay to determine the seasonal prevalence of Coxiella burnetii in cow milk using nested PCR.

19. Rodolakis A, et al., 2007. Comparison of Coxiella burnetii shedding in milk of dairy bovine, caprine, and ovine herds. *Journal of dairy science*, 90(12):5352-60.

20. Guatteo R, et al., 2006. Shedding routes of Coxiella burnetii in dairy cows: implications for detection and control. *Veterinary Research*, 37(6):827-33.

22. Eldin C, et al., 2013. Coxiella burnetii DNA, but not viable bacteria, in dairy products in France. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 88(4):765-9.

22. Esmaeili S, et al., 2019. Molecular prevalence of Coxiella burnetii in milk in Iran: a systematic review and meta-analysis. *Tropical Animal Health and Production*, 51(6):1345-55.

23. Khademi P, et al., 2019. Prevalence of Coxiella burnetii in milk collected from buffalo (water buffalo) and cattle dairy farms in Northwest of Iran. *Comparative Immunology Microbiology Infectiuos Diseases*, 67:101368.

24. Khademi P, et al., 2020. Prevalence of C. burnetii DNA in sheep and goats milk in the northwest of Iran. *International Journal of Food Microbiology*, 108716.

25. Nokhodian Z, et al., 2017. Epidemiology of Q fever in Iran: a systematic review and meta-analysis for estimating serological and molecular prevalence. Journal of research in medical sciences: *the official journal of Isfahan University of Medical Sciences*, 22.

26. Etemadfar L, et al., 2015. Genomic Detection of Coxiella burnetii in Raw and Unpasteurized Cow Milk of Traditional domestic dairy products Vendors in Khorramabad, Lorestan Province in 2015. *Yafte*, 19(2):1-5.

27. Sting R, et al., 2013. Quantitative real-time PCR and phase specific serology are mutually supportive in Q fever diagnostics in goats. *Veterinary microbiology*, 167(3-4):600-8.

28. Rozental T, et al., 2020. First molecular detection of Coxiella burnetii in Brazilian artisanal cheese: a neglected food safety hazard in ready-to-eat raw-milk product. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 24(3):208-12.