Journal of Ilam University of Medical Sciences

P-ISSN: 1563-4728
E-ISSN: 2588-3135

Epidemiological Study of *Coxiella Burnetii* in Domestic Animals and Ticks in Ilam Province, Iran

Zeinab Yazdanpanah [1], Fatemeh Foroohi [1*], Majid Rajabi [1], Fatemeh Rafiei [1]

[1] Dept of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, ShQ.C., Islamic Azad University, Shahr-e Qods, Iran

Article Info

Article type:
Research Article

Article History:
Received: Aug. 11, 2026
Received in revised form: Sep. 15, 2026
Accepted: Sep. 20, 2026
Published Online: Nov. 26, 2026

**** Correspondence to:***
Fatemeh Foroohi
Dept of Microbiology, Faculty of Basic Sciences, ShQ.C., Islamic Azad University, Shahr-e Qods, Iran

Email:
drforoohi@iau.ac.ir

A B S T R A C T

Introduction: Coxiella burnetii is a significant zoonotic pathogen. This study aimed to determine the prevalence of C. burnetii in domestic animals and their associated hard ticks.

Materials & Methods: A total of 190 blood samples were collected from livestock (sheep, goats, and cattle), and 500 hard ticks were collected and identified morphologically. For molecular analysis, ticks were processed in 100 pools (5 ticks/pool). C. burnetii was detected by qPCR using the IS1111 gene as a molecular target.

Results: The results of morphological identification showed Hyalomma as the dominant genus. Hyalomma anatolicum anatolicum (37%) was the most prevalent species followed by Rhipicephalus sanguineus (20%) and Rhipicephalus turanicus (15%). The overall prevalence of C. burnetii in the blood samples of livestock was 21.1% with the highest prevalence in goats (29.0%) followed by sheep (21.7%) and cattle (10.3%). The overall tick prevalence was 11.2%. All positive pools were H. anatolicum anatolicum species. The highest tick prevalence was recorded in goats (12.0%), followed by sheep (11.2%) and cattle (10.0%).

Conclusion: Results indicate that C. burnetii is widely circulating in both livestock and ticks, and small ruminants (sheep and goats) appear to be more susceptible or exposed. The pathogen was found only in H. anatolicum anatolicum, which underlines its importance as a potential vector in the transmission cycle in the investigated area. The findings emphasize the need for integrated management approaches, combining the health monitoring of livestock and tick-control interventions in an effort to reduce the risk of Q fever.

Keywords: *Coxiella Burnetii*, Livestock, Hard Ticks, qPCR, Zoonosis

Cite this paper: Yazdanpanah Z, Foroohi F, Rajabi M, Rafiei F. Epidemiological Study of Coxiella Burnetii in Domestic Animals and Ticks in Ilam Province, Iran. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*. 2026;34(5):50-64.

Introduction

Coxillosis (Q fever) is one of the most important zoonotic diseases in the world, which is caused by the intracellular bacterium Coxiella burnetii (1). Due to its extraordinary ability to survive in harsh environmental conditions and resistance to temperature and chemicals, this bacterium has a high potential to cause widespread epidemics (2). Although the main transmission of this bacterium is known through the inhalation of aerosols from maternity secretions and contaminated dust, the role of ticks as possible carriers or environmental reservoirs is still one of the most controversial and challenging issues in epidemiological studies (3). In Iran, due to the wide spread of animal husbandry and the biodiversity of insects, the risk of transmission of this disease is high in many areas (4). Considering its special climatic and ecological conditions, Ilam province is considered a suitable platform for the presence of different species of ticks and the transmission cycle of C. burnetii bacteria (5). However, data on the co-prevalence of this bacterium in domestic animals and ticks isolated from them in this region are limited. The present study was conducted with the aim of epidemiological investigation of the presence of *C. burnetii* bacteria in the blood of different species of livestock (cows, sheep, and goats) and to identify the level of contamination in the population of ticks isolated from these animals in Ilam province.

Methods

This descriptive-analytic research was conducted in Ilam city from spring 2024 to spring 2025. The statistical population consisted of 190

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

© The Author(s)

heads of livestock (100 sheep, 50 goats, 40 cows) belonging to traditional and industrial units, as well as 500 hard ticks isolated from the body of these animals. All steps of sample collection from the animals were conducted in cooperation with the livestock owners and in accordance with the principles of animal welfare. The livestock owners agreed and no action was taken that caused any unnecessary harm or stress to the animals. Blood samples (approximately 5 ml) were collected from each animal in EDTA-containing tubes and stored at 4°C. Ticks were removed with specialized forceps, preserved in 70% ethanol and identified by an entomologist using morphological keys and a light microscope. The ticks were divided into 100 groups of 5. In molecular detection, DNA was extracted from blood samples and crushed ticks using commercial kits (ROJEH) and analyzed by Nanodrop device. qPCR was employed to target the specific IS1111 gene of C. burnetii bacteria. The reaction was performed in a final volume of 20 µl consisting of Master Mix (Ampliqon), primers and specific probes. Amplifications were carried out in a Bioer Real-time PCR System under the following conditions: 10 min at 95°C and 45 cycles of 15 sec at 94°C and 60 sec at 60°C. Nine-Mile strain DNA served as a positive control and DDW as a negative control. Samples with Ct values <40 were considered positive. Finally, the statistical analysis was done using SPSS version 26 software.

Results

500 hard ticks were morphologically identified. Hyaloma was the most abundant genus among the samples collected. At species level Hyaloma anatolicum was the most abundant (37%) followed by Rhipicephalus sanguineus (20%) and Rhipicephalus thoranicus (15%). Other species identified were Hyaloma excavatum 11%, Hyaloma dromedarius 5%, Rhipicephalus 4% and Hyaloma marginatum 3% (Figure 1). Figure 1 shows the dorsal and ventral surface characteristics of the collected ticks. Molecular studies, using qPCR (targeting IS1111 gene) estimated an overall prevalence of C. burnetii in blood samples of 21.1% (40 of 190 samples) (Table 1). The prevalence rate of 29% in goats and 21.7% in sheep against 10.3% in cattle reveals a specific pattern. The prevalence distribution indicated that small species (sheep and goats) are more susceptible or exposed to C. burnetii than large species (cattle). A total of 500 ticks were tested for the presence of C. burnetii, in 100 pools of 5 ticks each. The result of qPCR revealed 56 of 100 pools were reported positive with an overall prevalence rate of 11.2% among the ticks tested (Table 2). The highest prevalence rate was obtained in ticks isolated from goats (12.0%) followed by ticks isolated from sheep (11.2%) and cattle (10.0%). All positive pools were Hyaloma anatolicum species.

Conclusion

C. burnetii has been found in the blood of sheep (21.1%) and ticks on goats and sheep (11.2%) in Ilam. This evidence may indicate the possible circulation of *C. burnetii* in ticks in Ilam province. Also, the high frequency *of Hyaloma anatolicum anatolicum* and the observation of the highest infection rate in this species, together with numerous reports of the presence of *Coxiella burnetii* in *Hyaloma* species in different regions of Iran and neighboring countries, support the assumption of a potential role of these ticks in the epidemiological circulation of the Q fever agent. However, a positive PCR in a tick only confirms the presence of bacterial DNA and does not necessarily indicate the viability of the agent, its replication in the tick body, or the ability to transmit to another host. Although there is significant evidence of *C. burnetii* infection in humans and animals in Iran, there is a complete lack of control programs and surveillance systems for Q fever at the veterinary and medical levels in Iran. These findings indicate the need to strengthen surveillance programs, simultaneously examine livestock and ticks, pay special attention to livestock with a history of abortion, educate livestock owners, and control risk factors such as contact with birth secretions and consumption of unpasteurized dairy products. It is suggested that future studies, by increasing the sample size, separating results by animal species, age, sex, season, history of abortion, and tick species, and using serological, molecular, and genotyping methods simultaneously, provide a more accurate picture of the epidemiology of Q fever in Ilam province and neighboring areas.

Authors' Contribution

Conceptualization, Methodology, Validation, Formal Analysis, Investigation, Resources, Software, Data Curation, Writing–Original Draft Preparation, Writing–Review & Editing, Visualization, Supervision, Project Administration: ZYP, FF, MR, FR.

Ethical Statement

This study was approved by the Ethics Committee of Ilam University of Medical Sciences (Iran) (IR.MEDILAM.REC.1399.133). The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

Conflicts of Interest

The authors declare no conflict of interest regarding the publication of this article.

Funding

This research received no specific funding from any public, commercial, or not for profit agency.

Acknowledgment

The authors would like to express gratitude to all researchers whose scholarly works contributed to the theoretical and empirical foundations of this study.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام

JIUMS

شاپای چاپی : ۱۵۶۳-۴۷۲۸

شاپای الکترونیک : ۲۵۸۸-۳۱۳۵

بررسی اپیدمیولوژیک *کوکسیلا بورنتی* در حیوانات اهلی و کنه در ایلام، ایران

زینب یزدان پناه [۱]، **فاطمه فروهی** [۱*]، **مجید رجبی** [۱]، **فاطمه رفیعی** [۱]

[۱] گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد شهر قدس، دانشگاه آزاد اسلامی، شهر قدس، ایران

اطلاعات مقاله

نوع مقاله: پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۵/۲۰

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۵/۰۶/۲۴

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۶/۲۹

تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۹/۰۵

نویسنده مسئول:
فاطمه فروهی
گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، واحد شهر قدس، دانشگاه آزاد اسلامی، شهر قدس، ایران

Email:
drforoohi@iau.ac.ir

چکیده

مقدمه: با توجه به اهمیت بیماری کوکسیلیوز به‌عنوان یک بیماری مشترک میان انسان و دام، این مطالعه با هدف تعیین میزان شیوع باکتری *کوکسیلا بورنتی* در دام‌های اهلی و کنه‌های سخت متعلق به آن‌ها انجام شد.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، ۱۹۰ نمونهٔ خون از گاو، گوسفند و بز جمع‌آوری و ۵۰۰ کنهٔ سخت از نظر ریخت‌شناسی شناسایی گردیدند. کنه‌ها برای بررسی در ۱۰۰ گروه (Pool)۵ تایی دسته‌بندی شدند. تشخیص مولکولی باکتری با استفاده از روش qPCR و هدف قرار دادن ژن *IS1111* انجام گرفت.

یافته‌های پژوهش: *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* غالب‌ترین جنس شناسایی‌شده بود که در این میان، گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* با ۳۷ درصد بیشترین فراوانی را داشت. شیوع کلی باکتری در نمونه‌های خون ۲۱/۱ درصد برآورد گردید که بیشترین میزان آن در بزها (۲۹ درصد) و پس از آن در گوسفندها (۲۱/۷ درصد) مشاهده شد. در بررسی کنه‌ها، شیوع کلی ۱۱/۲ درصد گزارش گردید که بیشترین میزان آن در بزها (۱۲ درصد) بود. نکتهٔ قابل‌توجه این بود که همهٔ گروه‌های (Pools) مثبت متعلق به گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* بودند.

بحث و نتیجه‌گیری: نتایج نشان‌دهندهٔ گردش چشمگیر باکتری در دام‌ها و کنه‌ها است. گونه‌های کوچک (بز و گوسفند) نسبت به گونه‌های بزرگ حساسیت یا میزان مواجههٔ بالاتری نشان دادند؛ همچنین نقش کلیدی گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* به‌عنوان ناقل احتمالی در چرخهٔ انتقال این باکتری در منطقهٔ مطالعه‌شده برجسته است. یافته‌ها ضرورت استقرار برنامه‌های کنترل تلفیقی (کنه‌ها و سلامت دام) را برای مدیریت ریسک‌های بیماری‌های مشترک مطرح می‌کند.

واژه‌های کلیدی: *کوکسیلا بورنتی*، حیوانات اهلی، کنه‌های سخت، qPCR، بیماری مشترک

استناد: یزدان پناه زینب، فروهی فاطمه، رجبی مجید، رفیعی فاطمه. بررسی اپیدمیولوژیک *کوکسیلا بورنتی* در حیوانات اهلی و کنه در ایلام، ایران. *مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام*، آذر ۱۴۰۵؛ ۳۴(۵) : ۶۴-۵۰.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

CC BY NC

حق‌مؤلف © نویسندگان

مقدمه

بیماری‌های زئونوز به‌ویژه بیماری‌هایی که میان انسان، دام و محیط مشترک هستند، از مهم‌ترین چالش‌های بهداشت عمومی و دامپزشکی در جهان به‌شمار می‌روند. در میان عوامل زئونوتیک، *کوکسیلا بورنتی* (*Coxiella burnetii*) جایگاه ویژه‌ای دارد؛ زیرا این باکتری داخل‌سلولی اجباری، عامل بیماری تب کیو است و به علت توانایی بقا در شرایط محیطی نامساعد، دامنهٔ وسیعی از میزبان‌ها و راه‌های انتقال و نیز ظرفیت ایجاد آلودگی در انسان و حیوانات، اهمیت اپیدمیولوژیک فراوانی دارد (۲، ۱). تب کیو نخستین بار در دههٔ ۱۹۳۰ به‌عنوان یک بیماری تب‌دار نامشخص در کارگران کشتارگاه در استرالیا شناخته شد و بعدها مشخص گردید که عامل آن باکتری *کوکسیلا بورنتی* است. از آن زمان تاکنون، این پاتوژن به‌عنوان یکی از مهم‌ترین عوامل عفونت‌های زئونوتیک در سراسر جهان شناخته‌شده و در بسیاری از کشورها به‌ویژه مناطق دارای دامداری سنتی و نیمه‌سنتی، مورد توجه پژوهشگران و برنامه‌های مراقبت بهداشتی قرار گرفته است (۳، ۲). اهمیت *کوکسیلا بورنتی* از آن نظر بیشتر می‌شود که این عامل برخلاف بسیاری از پاتوژن‌های زئونوتیک می‌تواند در مقادیر بسیار اندک نیز موجب عفونت در انسان شود و به‌صورت آئروسل منتقل گردد (۴، ۱)؛ بنابراین، حضور آن در محیط‌های دامداری، جایگاه‌های زایش، اماکن نگهداری دام و حتی در فرآورده‌های دامی و ترشحات آلوده می‌تواند منشأ آلودگی گسترده در انسان باشد. مطالعات متعدد نشان داده‌اند که گوسفند، بز و گاو سه مخزن اصلی و مهم این باکتری در طبیعت هستند و بیشترین نقش را در ایجاد موارد انسانی و آلودگی محیطی ایفا می‌کنند (۵، ۴). ترشحات زایمانی، جفت، مدفوع، ادرار و شیر آلوده ازجمله مهم‌ترین منابع دفع عامل در محیط به‌شمار می‌روند و در شرایط مناسب می‌توانند موجب انتشار پایدار باکتری در منطقه شوند؛ ازاین‌رو، بررسی آلودگی در دام‌های اهلی، به‌ویژه در مناطق با تراکم بالای دام و نظام‌های پرورش سنتی، یکی از اصول اساسی در شناخت وضعیت بیماری در هر منطقه است (۶، ۵). در کنار دام‌های اهلی، کنه‌ها نیز در چرخهٔ اکولوژیک *کوکسیلا بورنتی* اهمیت دارند، هرچند نقش دقیق آن‌ها در انتقال بیماری همچنان محل بحث است. این بندپایان خون‌خوار قادرند با تغذیه از میزبان‌های آلوده، باکتری را دریافت کنند و در برخی شرایط، آن را حفظ یا منتقل نمایند. بااین‌حال، مرورهای نظام‌مند جدید نشان داده‌اند که تفکیک *کوکسیلا بورنتی* واقعی از Coxiella-like endosymbionts در کنه‌ها از نظر تشخیصی چالش‌برانگیز است و همین مسئله باعث شده است، ارزیابی نقش کنه‌ها در انتقال بیماری با احتیاط بیشتری انجام شود (۷، ۱). با وجود این محدودیت‌ها، حضور DNA مربوط به *کوکسیلا بورنتی* در گونه‌های متعدد کنه در مناطق مختلف جهان گزارش‌شده و در برخی مطالعات، ارتباط میان آلودگی کنه و چرخهٔ نگهداری باکتری در محیط‌های دامداری مطرح‌شده است (۸، ۱). از دیدگاه اکولوژیک و بهداشت دام، کنه‌ها علاوه بر آنکه می‌توانند به‌عنوان ناقل بالقوه یا مخزن مکانیکی مطرح باشند، شاخصی از وضعیت تماس دام با عوامل عفونی محیط نیز به‌شمار می‌روند. در مناطقی که دام‌ها در چراگاه‌های باز، مراتع مشترک و شرایط مدیریتی کم‌ضابطه نگهداری می‌شوند، آلودگی کنه‌ها می‌تواند بازتابی از گستردگی گردش عامل بیماری‌زا در چرخهٔ دام/ محیط/ بندپا باشد. در چنین شرایطی، بررسی هم‌زمان دام‌های اهلی و کنه‌های جداشده از آن‌ها تصویری جامع‌تر از اپیدمیولوژی منطقه ارائه می‌دهد و امکان تحلیل نقش نسبی هر جزء از این چرخه را فراهم می‌سازد (۹، ۸). استان ایلام با توجه به موقعیت جغرافیایی خاص، اقلیم گرم و نیمه‌خشک در بخش‌هایی از سال، دامداری گسترده و حضور انواع کنه‌های سخت، یکی از مناطق مهم برای بررسی وضعیت آلودگی به *کوکسیلا بورنتی* به‌شمار می‌رود. از سوی دیگر، این استان به علت ویژگی‌های مرزی و جغرافیایی می‌تواند در کانون گردش عوامل عفونی میان دام و محیط نقش داشته باشد. بر اساس این، مطالعهٔ حاضر با هدف تعیین میزان آلودگی *کوکسیلا بورنتی* در دام‌های اهلی استان ایلام و نیز در کنه‌های جمع‌آوری‌شده از این دام‌ها طراحی‌شده است.

مواد و روش‌ها

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

نمونه‌برداری از دام‌ها: این مطالعه به‌صورت مقطعی (توصیفی-تحلیلی) در بازه زمانی بهار ۱۴۰۳ تا بهار ۱۴۰۴، در شهرهای منتخب شهرستان ایلام (ایوان، دره‌شهر، آبدانان، ایلام، دهلران، مهران، چرداول و بدره) انجام گردید. جامعهٔ آماری شامل دام‌های اهلی (گوسفند، بز و گاو) در ۱۰ واحد پرورش دام سنتی و ۵ واحد صنعتی، به همراه کنه‌های سخت جداشده از آن‌ها بود. روش نمونه‌گیری به‌صورت طبقه‌بندی‌شدهٔ چندمرحله‌ای انجام شد، بدین‌صورت که ابتدا مناطق جغرافیایی به‌عنوان طبقات اصلی تعیین گردید و سپس با توجه به ترکیب جمعیتی دام‌های منطقه، حجم نمونهٔ کل (۱۹۰ رأس) به تفکیک گونه شامل "۱۰۰" رأس گوسفند، ۵۰ رأس بز و "۴۰" رأس گاو سهمیه‌بندی شد. از هر دام، نمونهٔ خون به حجم مناسب (حدود ۵ میلی‌لیتر) با استفاده از سرنگ‌های استریل و لوله‌های حاوی مادهٔ ضدانعقاد (EDTA) تهیه گردید. نمونه‌های خون جمع‌آوری‌شده بلافاصله در محل نمونه‌برداری در شرایط خنک (۴ درجهٔ سانتی‌گراد) نگهداری شد و در کوتاه‌ترین زمان ممکن به آزمایشگاه منتقل گردید تا فرایندهای استخراج DNA و سایر مراحل تشخیصی آغاز شود. درمجموع، تعداد ۵۰۰ کنهٔ سخت از سطح بدن دام‌های اهلی (گوسفند، بز و گاو) جمع‌آوری شد که در مناطق نمونه‌برداری‌شده حضور داشتند. کنه‌ها با استفاده از پنس‌های تخصصی و با رعایت دستورالعمل‌های حفظ یکپارچگی بافت، از بدن دام‌ها جدا گردیدند. کنه‌های جمع‌آوری‌شده بلافاصله در ظروف مناسب (مانند فالکون یا ویال‌های کوچک) حاوی اتانول ۷۰ درصد یا محلول نگه‌دارندهٔ مناسب قرار داده شدند. پس از جمع‌آوری، کنه‌ها برای شناسایی دقیق گونه‌ای به یک حشره‌شناس متخصص ارجاع داده شدند. این شناسایی با استفاده از کلیدهای مورفولوژیک تخصصی و با استفاده از میکروسکوپ‌های نوری با بزرگ‌نمایی مناسب صورت گرفت. پس از دسته‌بندی بر اساس گونه و منطقهٔ جغرافیایی، کنه‌های شناسایی‌شده برای مراحل بعدی آماده گردیدند. در این پژوهش، کنه‌ها در ۱۰۰ گروه ۵تایی دسته‌بندی شدند.

تشخیص مولکولی؛ استخراج DNA: پس از انتقال به آزمایشگاه، با استفاده از کیت‌های تجاری استاندارد استخراج DNA (ROJEH، شرکت زیست‌فناوری پیشگام) بر اساس دستورالعمل سازنده، از نمونه‌های خون دام DNA سلول‌های خونی استخراج گردید؛ همچنین کنه‌های جمع‌آوری‌شده (در گروه‌های ۵ تایی)، ابتدا به‌صورت فیزیکی خرد شدند و سپس DNA ژنومی آن‌ها با استفاده از کیت‌های مخصوص استخراج DNA از نمونه‌های سخت (ROJEH، شرکت زیست‌فناوری پیشگام) استخراج گردید. پس از استخراج، غلظت و خلوص DNA استخراج‌شده با استفاده از دستگاه نانودراپ ارزیابی شد و نمونه‌های DNA در دمای مناسب (۲۰- درجهٔ سانتی‌گراد) نگهداری گردیدند تا در مراحل بعدی استفاده شوند.

تشخیص مولکولی باکتری *کوکسیلا بورنتی*: ژن *IS1111* باکتری *کوکسیلا بورنتی* با استفاده از توالی‌های آغازگر/کاوشگر اختصاصی با روش qPCR هدف قرار گرفت (جدول شمارهٔ ۱) (۱۰). حجم نهایی هر واکنش qPCR 20 میکرولیتر بود که شامل ۱۰ میکرولیتر ۲ X Real Q Plus Master Mix برای پروب (Ampliqon، دانمارک)، ۱ میکرولیتر از مخلوط پروب (با غلظت نهایی ۲۰۰ نانومولار) و آغازگرهای روبه‌جلو و معکوس (با غلظت نهایی ۹۰۰ نانومولار)، ۴ میکرولیتر DNA استخراج‌شده و ۵ میکرولیتر آب دو بار تقطیرشده (DDW) بود. تکثیرها روی دستگاه Line-gene K Real-time PCR Detection System شرکت Bioer technology انجام شد. برنامهٔ qPCR به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۹۵ درجهٔ سانتی‌گراد و به دنبال آن، ۴۵ سیکل ۱۵ ثانیه‌ای در دمای ۹۴ درجهٔ سانتی‌گراد و ۶۰ ثانیه‌ای در دمای ۶۰ درجهٔ سانتی‌گراد انجام گردید. DDW و DNA خالص‌شده از سویهٔ Nine Mile (RSA 493) به‌ترتیب به‌عنوان کنترل منفی و مثبت استفاده شدند. نتایج qPCR با استفاده از نرم‌افزار Rotor-Gene®Q vol.2.3.5 (QIAGEN) تجزیه‌وتحلیل گردید و نمونه‌ها در صورت نشان دادن مقادیر آستانهٔ چرخهٔ 40 (Ct) یا کمتر، مثبت در نظر گرفته شدند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

جدول شمارهٔ ۱. مشخصات توالی پرایمرها و پروب استفاده‌شده در واکنش qPCR برای شناسایی ژن *IS1111* باکتری *کوکسیلا کوکسیلا بورنتی*

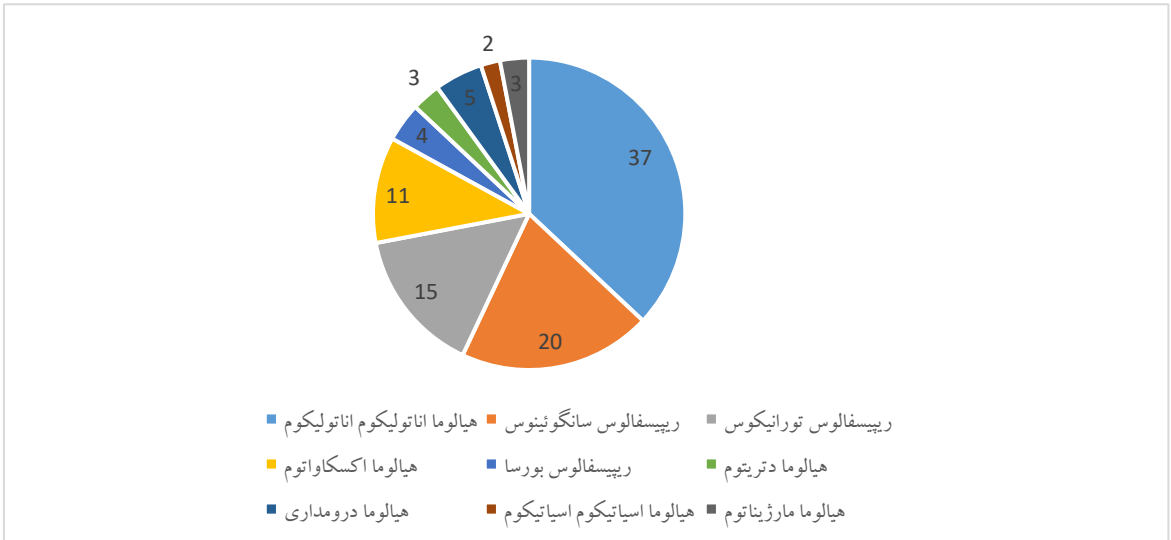
نام آغازگر/ کاوشگر	ژن هدف	توالی (3′ → 5)	طول قطعه (bp)	منبع
(Forward) *IS1111*-F	*IS1111*	AAAACGGATAAAAAGAGTCTGTGGTT	۷۴	(۱۰)
(Reverse) *IS1111*-R	*IS1111*	CCACACAAGCGCGATTCAT		
(Probe) *IS1111*-P	*IS1111*	AAAGCACTCATTGAGCGCCGCG		

تجزیه‌وتحلیل داده‌ها: تجزیه‌وتحلیل داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS vol.26 انجام یافت. مقایسهٔ آماری میان گروه‌ها با استفاده از آزمون آماری بررسی شد.

ملاحظات اخلاقی: این مطالعه پس از تأیید کمیتهٔ اخلاق در پژوهش دانشگاه علوم پزشکی ایلام با کد اخلاق IR.MEDILAM.REC.1399.133 انجام گردید. همهٔ مراحل جمع‌آوری نمونه از دام‌ها با هماهنگی دامداران و با رعایت اصول رفاه دام انجام شد. رضایت‌گیری از دامداران صورت گرفت و هیچ‌گونه عملی انجام نگردید که باعث آزار یا استرس غیرضروری به حیوانات شود. نمونه‌برداری‌ها با حداقل تهاجم و در اسرع وقت به آزمایشگاه منتقل شدند

یافته‌های پژوهش

ترکیب گونه‌ای و توزیع کنه‌ها: درمجموع، ۵۰۰ کنهٔ سخت از نظر ریخت‌شناسی شناسایی گردید. جنس *هیالوما* غالب‌ترین جنس در نمونه‌های جمع‌آوری‌شده بود. در سطح گونه، گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* با ۳۷ درصد بیشترین فراوانی نسبی را داشت و پس از آن، گونه‌های *ریپیسفالوس سانگوینئوس* با ۲۰ درصد و *ریپیسفالوس تورانیکوس* با ۱۵ درصد قرار گرفتند. سایر گونه‌های شناسایی‌شده شامل *هیالوما اکسکاواتوم* با ۱۱ درصد، *هیالوما دورومداری* با ۵ درصد، *ریپیسفالوس* با ۴ درصد و *هیالوما مارجیناتوم* با ۳ درصد بودند (شکل شمارهٔ ۱). ویژگی‌های ظاهری سطح پشتی و شکمی کنه‌های جمع‌آوری‌شده در شکل شمارهٔ ۲ نمایش داده‌شده است.



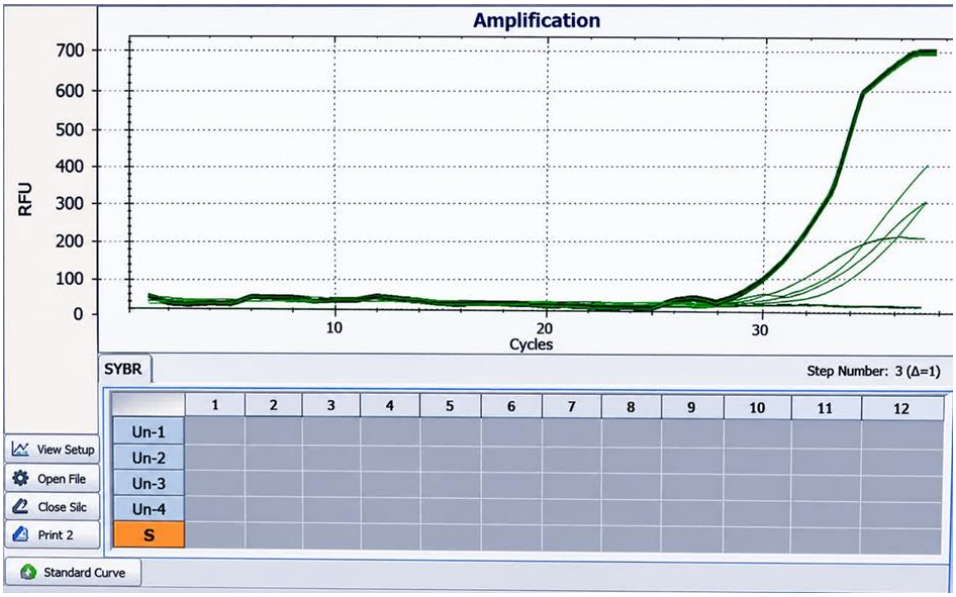
شکل شمارهٔ ۱. تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در دام‌هادام‌های بررسی‌شده

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]



شکل شمارهٔ ۲. *هیالوما اناتولیکوم اناتولیکوم*

تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در دام‌هادام‌های بررسی‌شده: بررسی‌های مولکولی با استفاده از روش qPCR (شکل شمارهٔ ۳) نشان داد، میزان شیوع کلی باکتری *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های خون برابر با ۲۱/۱ درصد (۴۰ از ۱۹۰ نمونه) برآورد شد (جدول شمارهٔ ۲). نرخ شیوع ۲۹ درصد در بزها و ۲۱/۷ درصد در گوسفندها در مقایسه با ۱۰/۳ درصد در گاوها، نشان‌دهندهٔ یک الگوی اختصاصی است. بررسی توزیع شیوع نشان داد، گونه‌های کوچک (گوسفند و بز) نسبت به گونه‌های بزرگ (گاو) حساسیت یا میزان مواجههٔ بالاتری با *کوکسیلا بورنتی* دارند.



شکل شمارهٔ ۳. نمودار منحنی تکثیر Real-time PCR (qRT-PCR)

جدول شمارهٔ۲. میزان شیوع *کوکسیلا بورنتی* در دام‌های بررسی‌شده

گونه دام	تعداد نمونهٔ خون	تعداد مثبت	درصد شیوع
گوسفند	۱۰۰	۲۲۲	۲۱.۷
بز	۵۰	۱۴	۲۹
گاو	۴۰	۴	۱۰.۳
جمع	۱۹۰	۴۰	۲۱.۱

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در پول‌های کنه‌ای: در این مطالعه، مجموعاً ۵۰۰ کنه در قالب ۱۰۰ گروه (Pool)۵تایی برای بررسی حضور *کوکسیلا بورنتی* آزمایش شدند. بر اساس نتایج qPCR، ۵۶ گروه از مجموع ۱۰۰ گروه مثبت گزارش گردیدند که به نرخ شیوع کلی ۱۱/۲ درصد در میان کنه‌های بررسی‌شده منجر شد (جدول شمارهٔ ۳). بیشترین نرخ شیوع در میان کنه‌های جداشده از بز (۱۲/۰ درصد) و پس از آن در کنه‌های جداشده از گوسفند (۱۱/۲ درصد) و گاو (۱۰/۰ درصد) مشاهده گردید. همهٔ پول‌های مثبت متعلق به گونهٔ *هیالوما آناتولیکوم آناتولیکوم* بودند.

جدول شمارهٔ ۳. میزان شیوع *کوکسیلا بورنتی* در کنه‌های بررسی‌شده

درصد شیوع کنه‌ها	گروه‌های مثبت	تعداد گروه‌های ۵تایی	تعداد کنه‌های جداشده
11.2	28	50	250
12	18	30	150
10	10	20	100
11.2	56	100	500

تشخیص مولکولی *کوکسیلا بورنتی* در دام‌ها و پول‌های کنه‌ای جداشده به تفکیک شهرستان: بر اساس نتایج سنجش qPCR، عامل *کوکسیلا بورنتی* در همهٔ شهرستان‌های مطالعه‌شدهٔ استان ایلام، در میان دام‌ها و کنه‌ها شناسایی شد که نشان‌دهندهٔ چرخهٔ فعال و بومی بودن این باکتری در منطقه است. بیشترین شیوع سرمی بیماری در سطح دام مربوط به بزها (۲۹/۰ درصد) و سپس گوسفندان (۲۱/۷ درصد) بود، درحالی‌که گاوها با ۱۰/۳ کمترین میزان آلودگی را نشان دادند. الگوی مشابهی نیز در آلودگی کنه‌ها مشاهده گردید، به‌طوری‌که گروه‌های ۵تایی جداشده از بزها (۱۲/۰ درصد) و گوسفندان (۱۱/۲ درصد) بالاترین میزان مثبت شدن را داشتند. از منظر پراکندگی جغرافیایی، شهرستان ایوان به همراه آبدانان به‌عنوان کانون‌های اصلی آلودگی هم‌زمان در دام و کنه شناخته شدند (جدول شمارهٔ ۴).

جدول شمارهٔ ٤. شیوع *کوکسیلا بورنتی* در دام و کنه‌ها به تفکیک شهرستان‌های استان ایلام

شهرستان	گونهٔ دام	نمونهٔ دام	دام مثبت	شیوع دام (درصد)	نمونهٔ کنه (پول ۵تایی)	پول‌های مثبت	شیوع کنه (درصد)
ایوان	گوسفند	30	7	23.3	15	9	12.0
	بز	15	4	26.6	10	6	12.0
	گاو	10	1	10.0	5	2	8.0
دره‌شهر	گوسفند	30	6	20.0	15	8	10.6
	بز	15	4	26.6	10	6	12.0
	گاو	10	1	10.0	5	2	8.0
آبدانان	گوسفند	20	5	25.0	10	6	12.0
	بز	10	3	30.0	5	3	12.0
	گاو	10	1	10.0	5	2	8.0
سایر	گوسفند	20	4	20.0	10	5	10.0
	بز	10	3	30.0	5	3	12.0
	گاو	10	1	10.0	5	4	16.0
جمع کل	-	190	40	21.05	100	56	11.2

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

بحث و نتیجه‌گیری

کوکسیلا بورنتی، عامل تب کیو، یک بیماری مشترک انسان و دام با توزیع جهانی است که به علت ماهیت بسیار مسری و گسترش سریع، تهدید چشمگیری برای سلامت عمومی و اقتصاد کشاورزی به‌شمار می‌رود. در مطالعهٔ حاضر، DNA *کوکسیلا بورنتی* در ۲۱/۱ درصد از نمونه‌های خون دام‌ها در شهر ایلام شناسایی شد. این یافته نشان می‌دهد، عامل تب کیو در جمعیت دامی منطقه در گردش است و از نظر بهداشت دام و بهداشت عمومی اهمیت دارد. با توجه به ماهیت زئونوتیک، پایداری محیطی عامل بیماری و امکان انتقال از طریق ترشحات زایمانی، شیر خام، گردوغبار آلوده و احتمالاً کنه‌ها، وجود این میزان آلودگی می‌تواند بیان‌کنندهٔ یک چرخهٔ فعال عفونت در منطقه باشد. میزان آلودگی گزارش‌شده در این پژوهش از برخی مطالعات مولکولی ایران کمتر و از برخی دیگر بیشتر است؛ برای مثال، در مطالعهٔ رهروانی و همکاران در کردستان، *کوکسیلا بورنتی* تنها در ۰/۹ درصد از نمونه‌های خون گوسفند با qPCR شناسایی شد (۱۱). کمتر بودن این میزان نسبت به مطالعهٔ حاضر می‌تواند ناشی از تفاوت در منطقهٔ جغرافیایی، فصل و زمان نمونه‌برداری، گونه و وضعیت فیزیولوژیک دام‌ها، اندازهٔ نمونه و تفاوت در بار باکتریایی خون در مراحل مختلف عفونت باشد. از سوی دیگر، خون معمولاً نمونه‌ای با حساسیت محدود برای تشخیص تب کیو است؛ زیرا باکتریمی اغلب گذرا است و ممکن است تنها در دورهٔ کوتاهی از عفونت قابل شناسایی باشد؛ بنابراین، بالاتر بودن میزان مثبت بودن خون در مطالعهٔ حاضر ممکن است نشان‌دهندهٔ مواجههٔ اخیرتر، انتخاب دام‌های پرخطرتر یا تفاوت در شرایط اپیدمیولوژیک منطقهٔ ایلام باشد.

در مقابل، برخی مطالعات ایرانی شیوع‌های بالاتری را در شاخص‌های دیگر گزارش کرده‌اند. در کردستان، شیوع سرمی در گوسفند، بز و گاو به‌ترتیب ۳۵/۹ درصد، ۵۶/۷ درصد و ۳۲/۲ درصد و نیز PCR مثبت در ۶/۵ درصد از نمونه‌های شیر گزارش‌شده است (۱۲). بالاتر بودن شیوع سرمی نسبت به یافتهٔ مولکولی خون در مطالعهٔ حاضر قابل‌انتظار است؛ زیرا سرولوژی نشان‌دهندهٔ مواجههٔ پیشین یا فعلی با عامل بیماری است و لزوماً معادل دفع فعال یا باکتریمی در زمان نمونه‌برداری نیست. درواقع، آنتی‌بادی‌ها مدت طولانی‌تری در بدن باقی می‌مانند، درحالی‌که DNA باکتری در خون ممکن است تنها در یک پنجرهٔ زمانی محدود قابل‌تشخیص باشد؛ بنابراین، این تفاوت‌ها لزوماً نشان‌دهندهٔ تناقض میان نتایج نیستند، بلکه بازتاب تفاوت در ماهیت شاخص‌های اندازه‌گیری‌اند.

در مقایسه با مطالعات منطقه‌ای، شیوع مطالعهٔ حاضر از شیوع سرمی ۱۱/۲ درصد گزارش‌شده در نشخوارکنندگان کوچک پنجاب پاکستان بیشتر است، هرچند آن مطالعه نیز تفاوت معنی‌داری میان بزها ۱۷/۱ درصد و گوسفندان ۹/۴ درصد نشان داد (۱۳). این اختلاف می‌تواند به تفاوت در اکوسیستم، ساختار دامداری، شدت تماس با کنه‌ها، وضعیت بهداشتی گله‌ها و نوع آزمون مربوط باشد؛ همچنین باید توجه داشت که مطالعهٔ پاکستان بر اساس ELISA انجام‌شده و آنتی‌بادی شاخص مورد سنجش بوده است، درحالی‌که مطالعهٔ حاضر مبتنی بر تشخیص مولکولی خون است. بااین‌حال، همسو بودن هر دو مطالعه در تأیید گردش *کوکسیلا بورنتی* در نشخوارکنندگان کوچک، بر اهمیت این گونه‌ها در اپیدمیولوژی بیماری دلالت دارد.

در عربستان سعودی، به‌ویژه در استان مکه، شیوع سرمی بسیار بالاتری گزارش‌شده است، به‌طوری‌که شیوع کلی ۴/۴۵ درصد و شیوع گونه‌ای ۴/۵۰ درصد در شتر، ۶/۴۴ درصد در بز و ۸/۳۶ درصد در گوسفند ثبت شد (۱۴). افزون بر آن، در مطالعهٔ مولکولی باروم و همکاران در عربستان سعودی، DNA *کوکسیلا بورنتی* در نمونه‌های خون، سواب واژینال و کنه‌های دام‌های سقط‌کرده شناسایی گردید (۱۵). بالاتر بودن مقادیر گزارش‌شده در این مطالعات نسبت به مطالعهٔ حاضر می‌تواند به تمرکز برخی از بررسی‌ها بر دام‌های دارای سابقهٔ سقط یا مشکلات تولیدمثلی، تفاوت در اقلیم و نوع دام، تماس بیشتر با کنه‌ها و استفاده از نمونه‌هایی مانند سواب واژینال و نمونه‌های مرتبط با سقط مربوط باشد؛ بنابراین، تفاوت میان نتایج ایلام و عربستان احتمالاً بیش از آنکه ناشی از تفاوت ذاتی در حضور باکتری باشد، متأثر از طراحی مطالعه و انتخاب جمعیت هدف است.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

یافته‌های اتیوپی نیز نشان‌دهندهٔ شیوع بالای عفونت در دام‌هاست. در مطالعه‌ای در منطقهٔ اومو جنوبی اتیوپی، شیوع سرمی *کوکسیلا بورنتی* در گاوها ۳۷/۶ درصد و درمجموع بزها و گوسفندان ۲۸/۷ درصد گزارش شد. شیوع عفونت در گاوهای آلوده به کنه ۴۹/۸ درصد و در گاوهای بدون کنه ۲۴/۲ درصد بود؛ همچنین این میزان در بزها و گوسفندان آلوده به کنه ۴۳/۶ درصد و در حیوانات بدون کنه ۲۲/۹ درصد گزارش گردید که نشان‌دهندهٔ ارتباط احتمالی آلودگی کنه‌ای با عفونت *کوکسیلا بورنتی* است. مطالعهٔ دیگری در مناطق دامداری جنوب اتیوپی (منطقهٔ اومو جنوبی) و همچنین در کشتارگاه‌های آدیس‌آبابا، آداما و موجو کشور اتیوپی، شیوع سرمی *کوکسیلا بورنتی* را ۲۷ درصد اعلام کرد (۱۷، ۱۶).

در سایر نقاط جهان نیز دامنهٔ شیوع بسیار متغیر بوده است. در برزیل، *کوکسیلا بورنتی* در ۹/۲ درصد از بافت‌های جنین سقط‌شدهٔ گاو شناسایی شد. این میزان از مطالعهٔ حاضر کمتر است؛ اما باید توجه داشت که بافت جنینی و خون دو مادهٔ زیستی متفاوت هستند و هرکدام مرحله‌ای خاص از پاتوژنز بیماری را نشان می‌دهند (۱۸). در بنگلادش نیز، حضور DNA باکتری در کنه‌ها، سرم گاوهای دارای سابقهٔ سقط و بزها تأیید شد (۱۹). در مطالعه‌ای که در چین انجام گردید، نتایج نشان داد که ۲۲۳ نمونه (۶۶ درصد) از نمونه‌های جمع‌آوری‌شده با استفاده از PCR ریل تایم، از نظر DNA *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند (۲۰).

در مطالعه‌ای که در شیلی انجام گردید، *کوکسیلا بورنتی* در گله‌های گاو مطالعه‌شده با استفاده از qPCR 73 درصد مثبت بودند (۲۱). در چین و شیلی، درصدهای بالاتری با qPCR گزارش‌شده است که احتمالاً به جمعیت‌های هدف خاص، نوع نمونه‌های پرخطر، تفاوت در سطح آلودگی منطقه‌ای یا راهبردهای متفاوت نمونه‌برداری مربوط است؛ ازاین‌رو، اختلاف فراوان میان مطالعات بین‌المللی لزوماً به معنای تفاوت واقعی در بار بیماری نیست، بلکه بخشی از آن به ناهمگنی روش‌شناختی بازمی‌گردد.

مطالعات انجام‌شده در ایران شواهد قابل‌توجهی از حضور *کوکسیلا بورنتی* در کنه‌های جداشده از دام‌ها فراهم کرده‌اند که با یافته‌های مطالعهٔ حاضر همسو است. در پژوهش حاضر، شناسایی DNA باکتری در کنه‌های جمع‌آوری‌شده از دام‌های شهر ایلام نشان می‌دهد که کنه‌ها می‌توانند در حفظ چرخهٔ طبیعی و گردش اپیدمیولوژیک *کوکسیلا بورنتی* در منطقه نقش داشته باشند. بااین‌حال، شناسایی DNA باکتری در کنه به‌تنهایی اثبات‌کنندهٔ توانایی انتقال زیستی یا نقش قطعی کنه به‌عنوان ناقل نیست؛ زیرا کنه ممکن است DNA عامل بیماری را از خون حیوان آلوده دریافت کرده باشد. در مطالعهٔ حاضر، جنس هیالوما غالب‌ترین جنس در میان کنه‌های جمع‌آوری‌شده بود. در سطح گونه نیز، *هیالوما اناتولیکوم اناتولیکوم* با فراوانی نسبی ۳۷ درصد بیشترین فراوانی را داشت؛ همچنین بیشترین میزان آلودگی به *کوکسیلا بورنتی* در همین گونه برابر با ۱۱/۲ درصد مشاهده شد. هم‌زمانی فراوانی بالای *هیالوما اناتولیکوم اناتولیکوم* با بیشترین میزان مثبت بودن مولکولی بیان‌کنندهٔ آن است که این گونه ممکن است یکی از کنه‌های مهم در چرخهٔ اکولوژیک و حفظ گردش *کوکسیلا بورنتی* در استان ایلام باشد.

این یافته با نتایج رهروانی و همکاران در استان کردستان قابل‌مقایسه است. در آن مطالعه، ۳۴ مورد از ۲۴۴ کنه جمع‌آوری‌شده از گوسفند و بز، معادل ۱۳/۹ درصد، از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند. بااین‌حال، بیشترین میزان آلودگی در *درماسنتور مارژیناتوس* با ۱۸/۳ درصد و سپس *همافیزالیس کونسینا* با ۱۲/۵ درصد مشاهده گردید (۱۱). تفاوت گونهٔ غالب آلوده میان ایلام و کردستان می‌تواند ناشی از اختلاف در ترکیب فون کنه‌ای، فصل نمونه‌برداری، روش‌های نگهداری دام و پراکنش محلی گونه‌های کنه باشد. با وجود این تفاوت‌ها، هر دو مطالعه بر حضور DNA *کوکسیلا بورنتی* در کنه‌های سخت وابسته به نشخوارکنندگان و احتمال نقش آن‌ها در چرخهٔ طبیعی عامل تب کیو در غرب ایران تأکید دارند.

در مطالعه‌ای در استان سیستان و بلوچستان (جنوب شرقی ایران)، ۷/۴ درصد از کنه‌های جمع‌آوری‌شده از گوسفندان و بزها از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند و کنه‌های آلوده متعلق به گونه‌های *هیالوما آناتولیکوم* و *ریپی‌سفالوس سانگوئینوس* بودند (۲۲)؛ همچنین در مطالعهٔ دیگری در استان

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

سیستان و بلوچستان، ۴/۸ درصد از کنه‌های جمع‌آوری‌شده از گاوها به عامل تب کیو آلوده بودند و کنه‌های مثبت به گونه‌های *هیالوما اسکاواتوم*، *هیالوما اناتولیکوم* و *رییپی‌سفالوس سانگوئینوس* تعلق داشتند (۲۳) در استان کرمان، ۱۱/۴ درصد از کنه‌های جمع‌آوری‌شده از گوسفندان و بزها از نظر *کوکسیلا بورنتی* مثبت بودند که کنه‌های مثبت متعلق به *هیالوما اناتولیکوم* و *رییپی‌سفالوس سانگوئینوس* بودند (۲۴). در استان اردبیل (شمال غربی ایران)، ۱۲/۵ درصد از کنه‌های جمع‌آوری‌شده از بزها به *کوکسیلا بورنتی* آلوده بودند و کنه‌های مثبت به *هیالوما اکسکاواتوم*، *هیالوما اناتولیکوم* و *رییپی‌سفالوس سانگوئینوس* تعلق داشتند (۲۵). با استفاده از یافته‌های مطالعهٔ حاضر و مطالعات مشابه، فرض بر این است که کنه‌ها احتمالاً نقش مهمی در چرخهٔ زندگی *کوکسیلا بورنتی* در ایلام دارند؛ بنابراین، پیشنهاد می‌شود که مطالعات روی *کوکسیلا بورنتی* در طیف وسیعی از کنه‌ها و سایر بندپایان انجام گردد تا نقش احتمالی کنه‌ها در گردش اپیدمیولوژیک یا بقای *کوکسیلا بورنتی* در ایران، به‌ویژه در این منطقهٔ اندامیک، تثبیت و شفاف‌سازی شود.

تکرار شناسایی *هیالوما اناتولیکوم* در استان‌های سیستان و بلوچستان، تهران و خراسان، اهمیت بالقوهٔ این گونه را در اکولوژی *کوکسیلا بورنتی* در ایران برجسته می‌کند (۲۸-۲۶). پراکندگی وسیع *هیالوما* در مناطق دام‌پروری، سازگاری آن با شرایط اقلیمی نسبتاً گرم و خشک، تغذیه از میزبان‌های متعدد و تماس فراوان با نشخوارکنندگان می‌تواند فرصت دریافت و احتمالاً حفظ عامل بیماری را افزایش دهد. بااین‌حال، تفاوت میزان‌های گزارش‌شده نشان می‌دهد، میزان آلودگی تنها به گونهٔ کنه وابسته نیست و تحت تأثیر نوع دام میزبان، محل نمونه‌برداری، تراکم کنه، فصل، روش آزمایش و ژن هدف نیز قرار می‌گیرد.

در استان هرمزگان نیز، میزان آلودگی کنه‌ها بر اساس ژن هدف و نوع میزبان متفاوت گزارش‌شده است. از مجموع ۱۴۶ نمونهٔ کنه، ۴۰ نمونه بر پایهٔ ژن چندکپی *IS1111* و ۳۲ نمونه بر پایهٔ ژن *icd* مثبت بودند. بالاترین آلودگی در کنه‌های جمع‌آوری‌شده از گوسفند ۳۷/۵ درصد و سپس گاو ۳۲/۱۴ درصد مشاهده شد، درحالی‌که این میزان در کنه‌های بز، شتر و سگ کمتر بود. بالاتر بودن میزان مثبت بودن بر اساس *IS1111* نسبت به icd قابل توجیه است؛ زیرا *IS1111* یک عنصر تکراری با تعداد کپی بالا در ژنوم *کوکسیلا بورنتی* است و معمولاً حساسیت تشخیصی بیشتری نسبت به ژن‌های تک‌کپی دارد (۲۹).

نتایج مطالعهٔ حاضر با گزارش باروم و همکاران در استان مکهٔ عربستان سعودی نیز همسو است. در آن مطالعه، سه گونهٔ *هیالوما اناتولیکوم*، *هیالوما دروماداری* و *هیالوما اکسکاواتوم* از دامداری‌ها شناسایی شدند و *هیالوما دروماداری* در شترهای دارای سابقهٔ سقط‌جنین، در مکه با فراوانی ۷/۶ درصد و در جده با فراوانی ۵ درصد گزارش گردید (۱۵). حضور *کوکسیلا بورنتی* در دام‌ها و کنه‌های وابسته به آن‌ها در آن منطقه، مشابه یافتهٔ ایلام، بر اهمیت بالقوهٔ گونه‌های *هیالوما* در محیط‌های دام‌پروری خاورمیانه تأکید می‌کند. بااین‌حال، باید میان فراوانی یک گونهٔ کنه و شیوع آلودگی در آن گونه تمایز قائل شد؛ زیرا فراوانی گزارش‌شده برای *هیالوما دروماداری* در مطالعهٔ عربستان، لزوماً معادل میزان آلودگی آن به *کوکسیلا بورنتی* نیست.

مطالعات خارج از ایران نیز یافته‌های حاضر را پشتیبانی می‌کنند. در پنجاب پاکستان، DNA *کوکسیلا بورنتی* در پول‌های کنه‌ای جمع‌آوری‌شده از نشخوارکنندگان کوچک شناسایی شد و با وضعیت سرولوژیک دام‌ها ارتباط داشت (۱۳). گزارش‌های بنگلادش، هند، چین، آفریقا، اوگاندا، قزاقستان و کنیا نیز وجود *کوکسیلا بورنتی* را در کنه‌های انگل دام‌ها و حیات‌وحش تأیید کرده‌اند (۳۵-۳۰، ۱۹). با وجود این، میزان‌های گزارش‌شده در این مطالعات به‌طور مستقیم با نتایج مطالعهٔ حاضر قابل قیاس نیستند؛ زیرا برخی مطالعات از کنه‌های منفرد و برخی از پول‌های کنه‌ای استفاده کرده‌اند. در روش پول‌سازی، مثبت بودن یک پول تنها وجود حداقل یک کنهٔ آلوده در آن مجموعه را نشان می‌دهد و نمی‌توان آن را مستقیماً معادل شیوع فردی کنه‌ها در نظر گرفت.

به‌طورکلی، شباهت اصلی مطالعهٔ حاضر با اغلب پژوهش‌های داخلی و خارجی، تأیید گردش *کوکسیلا بورنتی* در دام‌های اهلی و احتمال مشارکت کنه‌ها در اکولوژی عفونت

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

است. در مقابل، مهم‌ترین علت تفاوت در میزان‌های گزارش‌شده را می‌توان به تفاوت در نوع آزمون تشخیصی، نوع نمونه، گونهٔ دامی، وضعیت بالینی و تولیدمثلی حیوانات، فصل و منطقهٔ نمونه‌برداری، شدت آلودگی کنه‌ای، اندازهٔ نمونه، گونهٔ کنه، ژن هدف و شرایط مدیریتی گله‌ها نسبت داد. افزون بر این، در مطالعات سرولوژیک، مواجههٔ گذشته و مزمن نیز ثبت می‌شود، درحالی‌که در مطالعات مولکولی، وجود DNA باکتری بیشتر نشان‌دهندهٔ عفونت فعال یا حضور اخیر عامل بیماری است.

از دیدگاه اپیدمیولوژیک، یافته‌های این پژوهش نشان می‌دهد که ایلام می‌تواند در زمرهٔ مناطق در معرض خطر تب کیو قرار گیرد. هم‌جواری با استان‌های دارای سابقهٔ آلودگی، جابه‌جایی دام، الگوهای سنتی پرورش، تماس نزدیک انسان و دام و امکان حضور کنه‌های آلوده، همگی می‌توانند در پایداری چرخهٔ عفونت نقش داشته باشند. با توجه به اینکه در ایران هنوز پایش منظم و یکپارچهٔ تب کیو در انسان، دام و بندپایان ناقل به‌طور کامل استقرار نیافته است، نتایج این مطالعه بر ضرورت اتخاذ رویکرد «سلامت واحد» تأکید می‌کند.

درنتیجه، *کوکسیلا بورنتی* در خون گوسفندان (۲۱/۱ درصد) و کنه‌های بدن بزها و گوسفندان (۱۱/۲ درصد) در ایلام یافت شده است. این شواهد ممکن است نشان‌دهندهٔ گردش احتمالی *کوکسیلا بورنتی* در کنه‌ها در استان ایلام باشد؛ همچنین فراوانی بالای *هیالوما اناتولیکوم اناتولیکوم* و مشاهدهٔ بیشترین میزان آلودگی در این گونه، همراه با گزارش‌های متعدد از حضور *کوکسیلا بورنتی* در گونه‌های *هیالوما* در مناطق مختلف ایران و کشورهای همسایه، از فرض نقش بالقوهٔ این کنه‌ها در گردش اپیدمیولوژیک عامل تب کیو حمایت می‌کند. بااین‌حال، PCR مثبت در کنه تنها حضور DNA باکتری را تأیید می‌کند و لزوماً نشان‌دهندهٔ زنده بودن عامل، تکثیر آن در بدن کنه یا قابلیت انتقال به میزبان دیگر نیست. اگرچه شواهد چشمگیری از عفونت *کوکسیلا بورنتی* در انسان و حیوانات در ایران وجود دارد؛ اما کمبود کامل برنامه‌های کنترلی و دستگاه‌های مراقبتی برای تب کیو در سطوح دام‌پزشکی و پزشکی در ایران مشهود است. این یافته‌ها ضرورت اجتناب‌ناپذیر استقرار یک نظام مراقبتی جامع، پیشگیرانه و چندبخشی با رویکرد سلامت واحد میان بخش‌های بهداشت، دامپزشکی و محیط‌زیست استان ایلام را اثبات می‌کند.

این یافته‌ها لزوم تقویت برنامه‌های مراقبت، بررسی هم‌زمان دام‌ها و کنه‌ها، توجه ویژه به دام‌های دارای سابقهٔ سقط، آموزش دامداران و کنترل عوامل خطر مانند تماس با ترشحات زایمانی و مصرف فرآورده‌های لبنی غیرپاستوریزه را نشان می‌دهد. پیشنهاد می‌شود، در مطالعات آینده، با افزایش حجم نمونه، تفکیک نتایج بر اساس گونهٔ دام، سن، جنس، فصل، سابقهٔ سقط و گونه‌های کنه و استفادهٔ هم‌زمان از روش‌های سرولوژیک، مولکولی و ژنوتایپینگ، تصویر دقیق‌تری از اپیدمیولوژی تب کیو در استان ایلام و مناطق همجوار ارائه گردد.

سپاس‌گزاری

بدین وسیله نویسندگان از تمامی شرکت کنندگان در این پژوهش صمیمانه تشکر و قدردانی می کنند.

تعارض منافع

نویسندگان اعلام می‌کنند که تضاد منافعی در این مقاله وجود ندارد.

کد اخلاق

این مقاله با کد اخلاق IR.MEDILAM.REC.1399.133 و با نظارت و تاییدیه کمیته اخلاق دانشگاه علوم پزشکی ایلام انجام شده است.

حمایت مالی

پژوهش حاضر از هیچ گونه حمایت مالی برخوردار نبوده است و هزینه‌های مربوط به پژوهش به وسیله‌ی هزینه‌های شخصی نویسندگان تأمین گردیده است.

مشارکت نویسندگان

همه نویسندگان نسخه نهایی نسخه خطی را بررسی و تایید کرده اند. آنها مسئولیت کامل صحت داده ها و اعتبار تحلیل ها را می پذیرند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

References

1. Celina SS, Cerný J. Coxiella burnetii in ticks, livestock, pets and wildlife: A mini-review. Front Vet Sci. 2022; 9:1068129. doi: 10.3389/fvets.2022.1068129.
2. Robi DT, Demissie W, Temteme S. Coxiellosis in livestock: epidemiology, public health significance, and prevalence of Coxiella burnetii infection in Ethiopia. Vet Med. 2023;145-58. doi: 10.2147/VMRR.S418346.
3. Khademi P, Tukmechi A, Sgroi G, Ownagh A, Enferadi A, Khalili M, et al. Molecular and genotyping techniques in diagnosis of Coxiella burnetii: An overview. Infect Genet Evol. 2024; 123:105655. doi: 10.1016/j.meegid.2024.105655.
4. Epelboin L, Mioni MdSR, Couesnon A, Saout M, Guilloton E, Omar S, et al. Coxiella burnetii infection in livestock, pets, wildlife, and ticks in Latin America and the Caribbean: a comprehensive review of the literature. Curr Trop Med Rep. 2023; 10:94-137. doi: 10.1007/s40475-023-00295-w.
5. Anastácio S, de Sousa SR, Saavedra MJ, da Silva GJ. Role of goats in the epidemiology of Coxiella burnetii. Biology. 2022; 11:1703. doi: 10.3390/biology11121703.
6. Mezouar S, Desnues B, Bechah Y, Bardin N, Devaux C, Mege J-L. Pathogenicity and Virulence of Coxiella burnetii: Focus on Q fever. Virulence. 2025; 16:2495842. doi: 10.1080/21505594.2025.2495842.
7. Yessinou RE, Katja M-S, Heinrich N, Farougou S. Prevalence of Coxiella-infections in ticks—review and meta-analysis. Ticks Tick Borne Dis. 2022; 13:101926. doi: 10.1016/j.ttbdis.2022.101926.
8. Muhammad KA, Gadzama UN, Onyiche TE. Distribution and prevalence of Coxiella burnetii in animals, humans, and ticks in Nigeria: a systematic review. Infect Dis Rep. 2023; 15:576-88. doi: 10.3390/idr15050059.
9. Diseko LJ, Tsotetsi-Khambule AM, Onyiche TE, Ramatla T, Thekisoe O, Gcebe N. Coxiella burnetii infections from animals and ticks in South Africa: a systematic review. Vet Res Commun. 2024; 48:19-28. doi: 10.1007/s11259-023-10214-w.
10. Schneeberger PM, Hermans MH, van Hannen EJ, Schellekens JJ, Leenders AC, Wever PC. Real-time PCR with serum samples is indispensable for early diagnosis of acute Q fever. Clin Vaccine Immunol. 2010; 17:286-90. doi: 10.1128/CVI.00405-09.
11. Rahravani M, Moravedji M, Mostafavi E, Mohammadi M, Seyfi H, Baseri N, et al. The epidemiological survey of Coxiella burnetii in small ruminants and their ticks in western Iran. BMC Vet Res. 2022; 18:292. doi: 10.1186/s12917-022-03395-5.
12. Ahmadi E. Potential public health risk due to consumption of contaminated bovine milk with aflatoxin M1 and Coxiella burnetii in the West of Iran. Int J Dairy Technol. 2020; 73:479-85. doi: 10.1111/1471-0307.12686.
13. Ullah Q, El-Adawy H, Jamil T, Jamil H, Qureshi ZI, Saqib M, et al. Serological and Molecular Investigation of Coxiella burnetii in Small Ruminants and Ticks in Punjab, Pakistan. Int J Environ Res Public Health. 2019; 16:4100. doi: 10.3390/ijerph16214100.
14. Alkenani NA, Baroom HM, Almohimeed AA, Hassan SO, Mohammed MS, Alshehri LA, et al. Serological investigation of Coxiella burnetii infection (Query fever) in livestock in Makkah Province, Saudi Arabia. Vet World. 2024; 17:815-22. doi: 10.14202/vetworld.2024.815-822.
15. Baroom HM, Alkenani NA, Al-Johny BO, Almohimeed AA, Mohammed MS, Alshehri LA, et al. Molecular detection of Coxiella burnetii infection (Q fever) in livestock in Makkah Province, Saudi Arabia. Z Naturforsch C J Biosci. 2025; 80:275-84. doi: 10.1515/znc-2024-0158.
16. Getachew S, Kumsa B, Getachew Y, Kinfe G, Gumi B, Rufael T, et al. Seroprevalence of Coxiella burnetii and potential tick vectors infesting domestic ruminants and community perception of the disease in pastoral areas of south Omo zone, southern Ethiopia. Parasite Epidemiol Control. 2024;26: e00369. doi: 10.1016/j.parepi. 2024.e00369.
17. Milkesa A, Rufael T, Kinfe G, Belaineh R, Bulbula A, Cho D, et al. A sero-epidemiological analysis of Coxiella burnetii infection and its risk factors in livestock from Addis Ababa, Adama, and Modjo abattoirs and pastoral areas of Oromia, Ethiopia. PLoS Negl Trop Dis. 2024;18: e0012287. doi: 10.1371/journal.pntd.0012287.
18. Mioni MSR, Henker LC, Teixeira WSR, Lorenzett MP, Labruna MB, Pavarini SP, et al. Molecular detection of Coxiella burnetii in aborted bovine fetuses in Brazil. Acta Trop. 2022; 227:106258. doi: 10.1016/j.actatropica.2021.106258.
19. Chakrabartty A, Bhattacharjee PK, Sarker RR, Rahman AKMA, Henning K, Neubauer H, Rahman MS. Prevalence of Coxiella burnetii infection in cattle, black Bengal goats and ticks in Bangladesh. Bangl J Vet Med. 2016; 14:65-8. doi: 10.3329/bjvm. v14i1.28827.
20. Liu P, Wu J, Ma W, Yang Y, Lv L, Cai J, et al. Molecular detection and characterization of Coxiella burnetii in aborted samples of livestock in China. Acta Trop. 2024;

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]

254:107163. doi: 10.1016/j.actatropica.2024.107163.
21. Hernández-Agudelo JM, Bartolotti C, Tejeda C, Tomckowiak C, Soto JP, Steuer P, et al. Molecular and serological prevalence of Coxiella burnetii in bovine dairy herds in southern Chile: A PCR and ELISA-based assessment of bulk tank milk samples. Acta Trop. 2023; 247:107008. doi: 10.1016/j.actatropica.2023.107008.
22. Fard SRN, Ghashghaei O. Tick diversity and detection of Coxiella burnetii in tick of small ruminants using nested Trans PCR in Southeast Iran. Trop Biomed. 2016;33(3):506-11.
23. Ghashghaei O, Nourollahi-Fard SR, Khalili M, Sharifi H. A survey of ixodid ticks feeding on cattle and molecular detection of Coxiella burnetii from ticks in Southeast Iran. Turk J Vet Anim Sci. 2017; 41:46-50. doi: 10.3906/vet-1605-64.
24. Fard SN, Khalili M. PCR-detection of Coxiella burnetii in ticks collected from sheep and goats in southeast Iran. Iran J Arthropod Borne Dis. 2011;5(1):1-6.
25. Esmaeilnejad B, Gharekhani J, Samiei A, Rezaei H. Molecular detection of Coxiella burnetii in ticks isolated from goats of Meshkin-Shahr County, Ardabil Province, Iran. Nova Biol Reperta. 2020; 7:315-21. doi: 10.29252/nbr.7.3.315.
26. Talaie P, Tavassoli M, Mostafavi E, Telmadarraiy Z, Rohani M, Esmaeili S, et al. Molecular Detection of Coxiella burnetii in Ticks Isolated from Domestic Animals in Slaughterhouses and Farms, Shahr-E-Rey, Tehran, Iran. J Arthropod Borne Dis. 2024; 18:149-59. doi: 10.18502/jad. v18i2.15573.
27. Asadolahizoj S, Saadati D, Rasekh M, Jafari A, Jafari Nozad A, Faghihi F, et al. Molecular Investigation of Coxiella Burnetii in Hard ticks collected from some livestock in the Sistan Region. Jundishapur Sci Med J. 2022; 21:328-39. doi: 10.32598/JSMJ.21.3.2427.
28. Jafari A, Rasekh M, Jafari Nozad A, Asadolahizoj S, Saadati D, Faghihi F, et al. Identification of fauna of hard ticks collected from livestock and molecular investigation of Coxiella burnetii as potential vectors of Q-fever in south-Khorasan. J Mazandaran Univ Med Sci. 2021; 31:42-52.
29. Enferadi A, Sarani S, Mohammadipour S, Hasani SJ, Ajdari A, Asl MN, et al. Molecular detection of Coxiella burnetii in ticks collected from Iran. Infect Genet Evol. 2024; 118:105562. doi: 10.1016/j.meegid.2024.105562.
30. Dhaka P, Malik SVS, Yadav JP, Ghosh S, Kumar M, Barbuddhe SB, et al. Molecular investigation of the status of ticks on infected cattle for Coxiella burnetii in India. Acta Parasitol. 2020; 65:779-82. doi: 10.2478/s11686-020-00216-5.
31. Han T, Lin F, Zhou S, Zeng Z, Wang J, Yao X, et al. Epidemiological investigation and genetic characterization of Coxiella burnetii carried by parasitic ticks in the southeastern coastal region of China. BMC Infect Dis. 2026; 26:1165. doi: 10.1186/s12879-026-13209-6.
32. Cossu CA, Collins NE, Oosthuizen MC, Menandro ML, Bhoora RV, Vorster I, et al. Distribution and Prevalence of Anaplasmataceae, Rickettsiaceae and Coxiellaceae in African Ticks: A Systematic Review and Meta-Analysis. Microorganisms. 2023; 11:749. doi: 10.3390/microorganisms11030749.
33. Eneku W, Erima B, Byaruhanga AM, Cleary N, Atim G, Tugume T, et al. Molecular detection of Coxiella burnetii in ticks collected from animals and the environment in Uganda. Zoonoses Public Health. 2024; 71:869-75. doi: 10.1111/zph.13168.
34. Sultankulova KT, Shynybekova GO, Issabek AU, Mukhami NN, Melisbek AM, Chervyakova OV, et al. The prevalence of pathogens among ticks collected from livestock in Kazakhstan. Pathogens. 2022; 11:1206. doi: 10.3390/pathogens11101206.
35. Kamau MW, Witte C, Goosen W, Mutinda M, Villinger J, Getange D, et al. Comparison of test performance of a conventional PCR and two field-friendly tests to detect Coxiella burnetii DNA in ticks using Bayesian latent class analysis. Front Vet Sci. 2024; 11:1381284. doi: 10.3389/fvets.2024.1396714.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-25]