چکیده پایان‌نامه شماره 10201 . دکتری تخصصی، در رشته باکتری شناسی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه ارومیه.

سال تحصیلی 02-1401

نگارنده: زهرا جوادی

عنوان پایان‌نامه: : تنوع پلاسمیدی *کوکسیلابورنتی* در شیر گاو، گاومیش، گوسفند و بز در استان آذربایجان غربی

چکیده:

تمامی جدایه‌های *کوکسیلابورنتی* دارای یکی از چهار پلاسمید بزرگ، حفاظت شده، تکثیرشونده مستقل یا یک توالی کروموزومی یکپارچه پلاسمید مانند هستند. در این مطالعه از سال 1399 تا 1400، تعداد 400 نمونه شیر به‌طور تصادفی از نشخوارکنندگان اهلی(گاو، گوسفند، بز و گاومیش) در استان آذربایجان غربی جمع‌آوری شد. نمونه‌های شیر طی یک سال به‌صورت فصلی جمع‌آوری و همچنین سن حیوانات ثبت گردید. به منظور ردیابی ژنوم *کوکسیلابورنتی*، از همه نمونه‌های شیر DNA استخراج شد. سپس برای تشخیص *کوکسیلابورنتی* بر اساس ژن ترانسپوزونی *IS1111* و پلاسمیدهای(QPH1، QpRS، QpDV و QpDG) با کمک پرایمرهای اختصاصی برای هر ژن از Nested-PCR استفاده شد. در مجموع، از 400 نمونه شیر گاو، گاومیش، گوسفند و بز براساس ژن *IS1111*، 62 نمونه(15/5درصد) (95درصد Cl:19/4 -12/3درصد) برای *کوکسیلابورنتی* مثبت بودند. از 62 نمونه مثبت، 16 نمونه(25/8درصد)، (95درصد Cl:37/9 -16/6درصد) حاوی ژن پلاسمید QpH1 و 5 نمونه(8درصد)، (95درصد Cl: 17/5 -3/5درصد) دارای پلاسمید QpRS بودند. همچنین هفت نمونه(11/3درصد)، (95درصد Cl:21/5 -5/6درصد) برای QpDG و 5 نمونه(11/3درصد)، (95% Cl:17/5 -3/5درصد) مثبت برای ژن QpDV وجود داشت. طبق نتایج، سویه‌های مختلف *کوکسیلابورنتی* در دام در استان آذربایجان غربی گسترش یافته است. این مطالعه نقش حیاتی پلاسمیدها را برای ماندگاری *کوکسیلابورنتی* در شیر نشان می‌دهد و ابزاری را برای مطالعات ژنتیکی در *کوکسیلابورنتی* فراهم می‌کند. نتایج این مطالعه تنوع منطقه‌ای قابل توجهی در ترشح عوامل تب کیو در شیر خام را نشان داد. همچنین نتایج مطالعه حاضر نشان داد که در ترشح عامل تب کیو در شیر خام اختلاف معنی‌داری بین فراوانی آلودگی شیر در مناطق شمال و دیگر مناطق استان وجود دارد. بیشترین شیوع *کوکسیلابورنتی* در شیر، در تابستان و در گاو (44 درصد) و گوسفند (24 درصد) مشخص شد. بررسی نتایج مشخص کرد که بین سن دام و حضور *کوکسیلابورنتی* در شیر آنها برای سن‌های بالای 10 سال با بقیه سن‌ها در استان آذربایجان غربی تفاوت معنی‌داری وجود داشت. علاوه بر این، نتایج آنالیز فیلوژنتیک نشان داد که توالی‌های به دست آمده دارای شباهت 100 درصدی هستند. درخت فیلوژنتیک ساخته شده بر اساس تجزیه و تحلیل پیوند همسایه ژن‌های جزئی نشان داد که 20 جدایه نزدیک به هم قرار گرفتند که 99/9٪ شباهت را نشان می‌دهد و می‌تواند یکسان در نظر گرفته شود. توالی ژن‌های به دست آمده با شماره‌های دسترسی موجود در NCBI ثبت شد. نتایج به‌دست‌آمده از ابزار اصلی جستجوی هم‌ترازی محلی (BLAST) نیز 100٪ تشابه این توالی‌ها را با توالی‌های بیشتر در بانک ژن از منابع مختلف نشان داد. نتایج نشان داد که PCR آشیانه‌ای از حساسیت و دقت بالایی برخوردار است. همچنین شناسایی پلاسمیدهای *کوکسیلابورنتی* می‌تواند یک روش سریع برای تشخیص این باکتری و بیماری حاصله از آن باشد.

واژگان کلیدی: *کوکسیلابورنتی*، پلاسمید، ژن QpH1، ژن QpRS، ژن QpDV، ژن QpDG، Nested-PCR، آذربایجان غربی