

Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitāte
Latvia University of Life Sciences and Technologies

Veterinārmedicīnas fakultāte
Faculty of Veterinary Medicine



Guna Ringa-Ošleja 

**Q DRUDŽA SASTOPAMĪBA SLAUCAMO GOVJU
GANĀMPULKOS LATVIJĀ UN TĀ
IETEKME UZ REPRODUKCIJAS RĀDĪTĀJIEM**

***PREVALENCE OF Q FEVER IN DAIRY HERDS IN LATVIA
AND ITS INFLUENCE ON REPRODUCTIVE PARAMETERS***

Promocijas darba KOPSAVILKUMS

zinātnes doktora grāda (*Ph.D.*) iegūšanai Veterinārmedicīnas zinātnē

SUMMARY

of the Doctoral thesis for the Doctoral degree of Science (*Ph.D.*) in Veterinary
Medicine

Jelgava
2024

Promocijas darbs izstrādāts Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitātes (LBTU) Veterinārmedicīnas fakultātes Klīniskajā institūtā un Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības un vides zinātniskajā institūtā BIOR laika periodā no 2016. līdz 2023. gadam.

Research has been carried out at the Clinical Institute of the Faculty of Veterinary Medicine, Latvia University of Life Sciences and Technologies, Institute of Food Safety, Animal Health and Environment "BIOR" from 2016 to 2023 year.

Promocijas darba zinātniskās vadītājas:

Scientific supervisors:

Profesore emerita, *Dr.med.vet.*, vadošā pētniece **Vita Antāne**

Dr.biol., vadošā pētniece **Lelde Grantiņa-Ieviņa**

Oficiālie recenzenti:

Official reviewers:

Dr.med.vet. **Anda Valdovska** – Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitātes (LBTU) Veterinārmedicīnas fakultātes profesore, vadošā pētniece; Latvijas Zinātņu akadēmijas korespondētājlocekle.

Dr.med.vet. **Margarita Terentjeva** – Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitātes (LBTU) Veterinārmedicīnas fakultātes asociētā profesore.

Dr.med.vet. **Arvo Viltrop** – Igaunijas Dzīvības zinātņu universitātes (EMÜ), Veterinārmedicīnas un Dzīvnieku zinātņu institūta profesors.

Promocijas darbs izstrādāts ar sekojošu projektu atbalstu:

Thesis has been funded by:

- projekts Nr. 8.2.2.0/20/I/001 “LLU pāreja uz jauno doktorantūras finansēšanas modeli”.
- Latvijas Zinātnes padomes fundamentālo un lietišķo pētījumu projekts – “Zoonozes Q-drudža ietekme uz slaucamo govju reprodukciju un risinājumi slimības sastopamības samazināšanai un dzīvnieku ilgtspējīgai izmantošanai” (Izp-2018/2-0109) (2018-2021).
- Latvijas Biozinātņu un Tehnoloģiju universitātes (LBTU) programmas “Zinātniskās kapacitātes stiprināšana LBTU” zinātniskais projekts “Q drudža sastopamība slaucamo govju ganāmpulkos Latvijā un tā ietekme uz reprodukcijas rādītājiem” (2017-2018) (projekts Nr. A05-02).

Promocijas darba aizstāvēšana notiks 2024. gada 28. martā, plkst. 10:00, LBTU Veterinārmedicīnas fakultātē, Jelgavā, Kristapa Helmaņa ielā 8, A300 auditorijā.

The defense of this thesis will take place at Latvia University of Life Sciences and Technologies, Faculty of Veterinary Medicine, Jelgava, Kristapa Helmaņa Street 8, auditorium No 300A, on 28th March, 2024 at 10:00 a.m..

SATURS / CONTENT

PĒTĪJUMA AKTUALITĀTE	5
MATERIĀLI UN METODIKA	10
Q drudža sastopamībai raksturīgie slaucamo govju ganāmpulku pārraudzības rādītāji	10
Q drudža izplatību iespējami veicinošie riska faktori un ietekme uz dzīvnieku reprodūktīvo veselību	11
<i>Coxiella burnetii</i> imūnatbilde serumā un klātbūtne pienā individuālo dzīvnieku paraugos	14
Turpmākais reprodūktīvais sniegums un produktivitāte dzīvniekiem pēc aborta ar <i>Coxiella burnetii</i> imūnatbildi vai klātbūtni	17
PĒTĪJUMA REZULTĀTI UN DISKUSIJA	19
Ganāmpulku pārraudzības rādītāji	19
Q drudža izplatību slaucamo govju ganāmpulkā iespējami veicinošie riska faktori	22
Ar reprodūkciju saistītu veselības rādītāju izvērtējums Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos	28
<i>Coxiella burnetii</i> imūnatbilde serumā un klātbūtne pienā individuālo dzīvnieku paraugos	32
Turpmākais reprodūktīvais sniegums un produktivitāte govīm pēc aborta ar <i>Coxiella burnetii</i> imūnatbildi vai klātbūtni	39
SECINĀJUMI	44
PRAKTISKĀS REKOMENDĀCIJAS	45
RELEVANCE OF THE STUDY	46
MATERIALS AND METHODS	48
<i>Typical Herd Monitoring Indicators for Q Fever Incidence in Dairy Herds</i>	48
<i>Potential Risk Factors Contributing to the Spread of Q Fever and Their Impact on Animal Reproductive Health</i>	50
<i>Serological Immune Response to Coxiella burnetii and Presence in Milk in Individual Samples</i>	52
<i>Subsequent Reproductive Performance and Productivity in Animals after Abortion with a Coxiella burnetii Serological Immune Response or Presence</i>	55
RESULTS AND DISCUSSION	57
<i>Herd Monitoring Parameters</i>	57
<i>Possible Risk Factors Contributing to the Spread of Q fever in Dairy Herds</i>	61

<i>Evaluation of Health Parameters Related to Reproduction in Q fever Affected and Unaffected Herds</i>	66
<i>Serological Immune Response to Coxiella burnetii and Presence in Milk in Individual Samples</i>	70
<i>Subsequent Reproductive Performance and Productivity in Animals after Abortion with Coxiella burnetii Serological Immune Response or Presence</i>	75
CONCLUSIONS	81
PRACTICAL RECOMMENDATIONS	82

PĒTĪJUMA AKTUALITĀTE

Q drudzis ir zoonotiska slimība, kuras ierosinātājs *Coxiella burnetii* ir plaši izplatīts pasaulē. Govīm dabiska inficēšanās ar Q drudzi parasti netiek saistīta ar būtiskām klīniskajām pazīmēm, taču zināms, ka Q drudzis atgremotājiem var izraisīt abortus, neauglību, metritu, mastītu, un atgremotāji ir galvenais slimības ierosinātāja avots cilvēku saslimšanas gadījumos. Ir zināms, ka augsttražīgo govju ganāmpulkos nereti sastop reprodukcijas problēmas, kuru cēloņus ne vienmēr izdodas noskaidrot.

Kopš 2015. gada, kad Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības un vides zinātniskais institūts „BIOR” uzsāka Q drudža ierosinātāja *Coxiella burnetii* klātbūtnes noteikšanu molekulāri abortētajos augļos, imūnatbildes noteikšanu apvienotajos piena paraugos un abortējušo dzīvnieku serumā, tika noskaidrots, ka attiecīgi 10,70% un 13,20% no kopā 252 izmeklētajiem ganāmpulkiem sastopama *C. burnetii* klātbūtne un imūnatbilde, un 13,40% no 1010 izmeklētajiem ganāmpulkiem dzīvniekiem aborta gadījumos serumā atrodama *C. burnetii* imūnatbilde (Boroduske et al., 2017). Tai pat laikā iztrūka ar šiem rezultātiem saistītu pētījumu, kas ļautu: identificēt Q drudža uzņēmīgākos ganāmpulkus, saprast slimības izplatības tendences, noskaidrot saslimšanas riskam pakļauto dzīvnieku segmentu un, galvenokārt, noskaidrot slimības ietekmi uz dzīvnieka reproduktīvo spēju.

Mūsu pētījuma rezultāti ļāva: raksturot Q drudža skartos ganāmpulkus, noskaidrot saimniekošanas prakses īpatnības un identificēt Q drudža izplatību iespējami veicinošos riska faktoros, jo tieši šie jautājumi, mūsaprāt, ir ārkārtīgi aktuāli no praktiskās piensaimniecības skatu punkta, lai varētu: pēc vairākiem kritērijiem (produktivitāte, saimniekošanas prakse) novērtēt Q drudža lomu reprodukcijas problēmu sastopamībā, un tādējādi pieņemt zinātniski pamatotus lēmumus dzīvnieku turpmākai izmantošanai vai brāķēšanai.

Uzsākot pētījumu, tika izvirzītas sekojošas **aizstāvamās tēzes:**

1. Q drudža skartie slaucamo govju ganāmpulki raksturojas ar noteiktiem produktivitātes un reprodukcijas rādītājiem;
2. Q drudža izplatību veicinošo riska faktoru apzināšana var ļaut izstrādāt praktiskās rekomendācijas slimības ierobežošanai;
3. neveicot ierobežojošus pasākumus, Q drudzim ir tendence izplatību ganāmpulkā turpināt;
4. individuālu dzīvnieku reproduktīvie traucējumi anamnēzē var tikt saistīti ar *C. burnetii* antigēna fāzes specifisko vai vispārējo imūnatbildi un/ vai klātbūtni pienā;
5. dzīvniekiem pēc aborta ar *C. burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni turpmākais reproduktīvais sniegums un produktivitāte būtiski pasliktinās.

Promocijas darbā izvirzītā hipotēze: Q drudzis var būtiski pasliktināt reprodukcijas rādītājus slaucamo govju ganāmpulkos, slimības sastopamībai raksturīgo rādītāju un veicinošo riska faktoru apzināšana varētu ļaut to ierobežot.

Promocijas darba mērķis: noskaidrot Q drudža sastopamību slaucamo govju ganāmpulkos un ietekmi uz reprodukcijas rādītājiem.

Mērķa sasniegšanai izvirzītie **promocijas darba uzdevumi:**

1. noskaidrot Q drudža sastopamībai raksturīgos ganāmpulku produktivitātes un reprodukcijas rādītājus, salīdzinot Q drudža skarto un neskarto ganāmpulku pārraudzības datus;
2. noskaidrot Q drudža izplatību veicinošos riska faktoros un ar reprodukciju saistītu veselības rādītāju sastopamības biežumu, veicot aptauju gan slimības skartajos, gan neskartajos ganāmpulkos;
3. noskaidrot slimības izplatību pēc *C. burnetii* imūnatbildes un klātbūtnes individuālo dzīvnieku paraugos, izmaiņas un dinamiku laikā, un saistību ar dzīvnieku reproduktīvo anamnēzi;
4. izvērtēt abortējušo dzīvnieku turpmāko reproduktīvo sniegumu un produktivitāti pēc aborta ar *C. burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni.

Pētījuma zinātniskā novitāte:

1. veikta slaucamo govju ganāmpulku pārraudzības rādītāju izpēte, lai ganāmpulka līmenī konstatētu būtiskās produktivitātes un reprodukcijas rādītāju atšķirības Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos.
2. veikta ganāmpulku saimniekošanas prakses izpēte Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos, lai noskaidrotu slimības izplatību iespējami veicinošos riska faktoros un to kombinācijas, kā arī to ietekmes būtiskumu uz slimības sastopamību ganāmpulkā. Veikta ar reprodukciju saistīto veselības rādītāju sastopamības biežuma izpēte, lai noskaidrotu reproduktīvās veselības atšķirības dzīvniekiem Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos.
3. slaucamo govju ganāmpulkos Latvijā pirmo reizi noteikta *C. burnetii* antigēna fāzes specifiskā imūnatbilde. Piena paraugos noteikta ierosinātāja DNS klātbūtne. Šo rādītāju sastopamība izvērtēta saistībā ar dzīvnieku reproduktīvo anamnēzi. Veicot paraugu ievākšanu divas reizes ar vairāku mēnešu intervālu, vērtēta infekcijas izplatības dinamika slaucamo govju ganāmpulkos.
4. salīdzinot abortējušo dzīvnieku turpmāko reproduktīvo sniegumu un produktivitāti pēc aborta ar *C. burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni, vērtēta slimības ietekme uz dzīvnieku turpmākās izmantošanas potenciālu.

Personīgais ieguldījums:

1. pētījumam izvēlēto Q drudža skarto un neskarto ganāmpulku produktivitātes un reprodukcijas rādītāju atlase, sakārtošana un statistiskā apstrāde;
2. ganāmpulku aptaujas anketas izstrāde slimības izplatības riska faktoru noskaidrošanai, aptverot jautājumu spektru sadaļās: ganāmpulka izveidošana/ papildināšana/ atjaunošana, mītņošana, higiēna, citi faktori. Ar reprodukciju saistīto veselības rādītāju sastopamības biežuma noskaidrošanai iekļaujot jautājumu spektru sadaļās: govju atnešanās, pēcdzemdību perioda saslimšanas, dzīvnieku piespiedu brāķēšana pēdējā gada laikā. Datu statistiskā apstrāde. Personīgi veikta aptauja daļā no pētījumā iekļautajiem ganāmpulkiem;
3. individuālo dzīvnieku asins un piena paraugu ievākšana, nogādāšana laboratorijās, daļēji – dalība paraugu testēšanā laboratorijās. Individuālo dzīvnieku reprodukcijas datu atlase, sakārtošana un statistiskā apstrāde.

Zinātniskā darba aprobācija *Scientific approbation*

Publikācijas, kas indeksētas **Web of Science** un / vai **SCOPUS** datu bāzēs:

1. **Ringa-Ošleja G.**, Antāne V., Lūsis I., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Mališevs A., Bērziņš A. Reproduction and Productivity in Dairy Cattle after Abortions both Related and Unrelated to *Coxiella burnetii*, *Animals*, 2023, 13(22) (indeksēts *Web of Science* datu bāzē)
2. **Ringa-Ošleja G.**, Ločmele M., Šteingolde Ž., Valkovska L., Bubula I., Sergejeva M., Mališevs A., Boikmanis G., Cīrule D., Kovaļenko K., Antāne V., Bērziņš A., Grantiņa-Ieviņa L. *Coxiella burnetii* in dairy cattle herd: farming practices and infection dynamics. *Rural Sustainability Research*, 2022, 48, 343. (indeksēts *Scopus* datu bāzē)
3. Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Boikmanis G., Laizāne L., **Ringa-Ošleja G.**, Bubula I., Sergejeva M., Mališevs A., Ķibilds J., Cvetkova S., Bergšpica I., Eglīte L., Cīrule D., Kovaļenko K., Antāne V., Bērziņš A. Shedding of *Coxiella burnetii* in Milk of Dairy Cattle and Evidence of Q Fever in Domestic Ruminants with Emphasis on Abortion Cases in Latvia. *Proceedings of the Latvian Academy of sciences*, 2022, 76, 2. (indeksēts *Web of Science* datu bāzē)

Publikācija **konferences rakstu krājumā:**

Ringa-Karahona G., Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Trofimova J. Dynamics of *Coxiella burnetii* DNA in milk and phase-specific

serological response in dairy cows. Research for rural development 2018, annual 24th international scientific conference proceedings, 2018, 1, 260-263. (indeksēts *Scopus* datu bāzē)

Publikācijas **populārzinātniskos žurnālos:**

1. Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Cīrule D., **Ringa-Ošleja G.**, Ločmele M., Antāne V., Kovaļenko K. Ieteikumi Q-drudža izplatības samazināšanai slaucamo govju ganāmpulkos. *Veterinārais žurnāls*. Nr.2 (2020), 20-30.lpp. (*populārzinātnisks raksts*)
2. Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., **Ringa-Karahona G.**, Kovaļenko K., Eglīte L., Antāne V. Mazpazīstamā slimība – Q drudzis. *Saimnieks*. 2019, 9 (183), 90-92.lpp. (*populārzinātnisks raksts*)
3. **Ringa-Karahona G.** Q drudzis slaucamo govju ganāmpulkā – vai pamats satraukumam? *AgroTops* pielikums “*Slimības govju ganāmpulkā*”, 2017, 11, 40-42.lpp. (*populārzinātnisks raksts*)
4. **Ringa-Karahona G.** Q drudzis slaucamo govju ganāmpulkā – vai pamats satraukumam? *AgroTops*. 2017, 6 58-59.lpp. (*populārzinātnisks raksts*)

Tēzes konferenču rakstu krājumos:

1. **Ringa-Ošleja G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. Influence of farming practices on presence of *Coxiella burnetii* in dairy farms. 1st European Symposium on Animal Reproduction, 2023 (*kopsavilkums*)
2. Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., **Ringa-Karahona G.**, Brūniņa-Buile M., Vīksna I., Mališevs A., Boikmanis G., Cīrule D., Antāne V., Kovaļenko K. Complex investigation about Q-fever distribution and risk factors in dairy cattle sheds in Latvia. International Scientific symposium “Science to strengthen sustainable and safe food systems”: book of abstracts. 2020, 38 (*kopsavilkums*)
3. **Ringa-Karahona G.**, Brūniņa-Buile M., Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. *Coxiella burnetii* in dairy herds – dynamics of DNA quantity in milk. 14th International Scientific conference “Students on their way to science”: Collection of abstracts, 2019, 66 (*kopsavilkums*)
4. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž. Serological response to *Coxiella burnetii* and pregnancy duration, age and outcome in cases of abortion and stillbirth in dairy cows. Proceedings of the 23rd Annual Conference of the European Society for Domestic Animal Reproduction (ESDAR), 2019, 9, 82 (*kopsavilkums*)
5. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. *Coxiella burnetii* phase specific serological response and status of offspring in dairy cows in Latvia – preliminary results. Proceedings of the 22nd Annual Conference of the

European Society for Domestic Animal Reproduction, 2018, P248, 186
(kopsavilkums)

6. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Trofimova J. *Coxiella burnetii* DNA in milk and phase-specific serological response related by age in dairy cows – preliminary results. 34th World Veterinary Association Congress: abstracts book, 2018, P.PHT1.09, 109 (kopsavilkums)
7. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. *Coxiella burnetii* antigēna fāzes specifiskā imūnatbilde un pēcnācēja statuss slaucamām govīm Latvijā – sākotnējie rezultāti. Ražas svētki “Vecauce – 2018” Latvijai – 100, Lauksaimniecības izglītībai – 155, Zinātniskā semināra rakstu krājums, 2018, 45-48. lpp. (AGRIS raksts)
8. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Trofimova J. *Coxiella burnetii* DNS izdalīšanās pienā un antigēna fāzes specifiskā imūnatbilde serumā slaucamo govju ganāmpulkos Latvijā. Dzīvnieki. Veselība. Pārtikas higiēna: konferences “Veterinārmedicīnas zinātnes un prakses aktualitātes” raksti. 2017, 19-25.lpp. (EBSCO raksts)

Ziņojumi zinātniskajās konferencēs:

1. **Ringa-Ošleja G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. Influence of farming practices on presence of *Coxiella burnetii* in dairy farms. 1st European Symposium on Animal Reproduction, 21-23.septembris, 2023.gads, Nantes, Francija (stenda ziņojums)
2. **Ringa-Ošleja G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž. Q drudzā ietekme uz reprodukcijas rādītājiem govīm Latvijā. Veterinārmedicīnas zinātnes un prakses aktualitātes 2022, 2. decembris, 2022.gads, Jelgava, Latvija (mutisks ziņojums)
3. Boikmanis G., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Laizāne L., **Ringa-Ošleja G.**, Bubula I., Sergejeva M., Mališevs A., Ķibilds J., Cvetkova S., Bergšpica I., Eglīte L., Cīrule D., Kovaļenko K., Antāne V., Bērziņš A. Country wide detection of Coxiellosis based on shedding of *Coxiella burnetii* in milk of dairy cattle and seroprevalence in domestic ruminants with emphasis on abortion cases. World Microbe Forum 2022: online worldwide, 22-24. jūnijs, 2021.gads. Tiešsaiste. (stenda ziņojums)
4. Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., **Ringa-Karahona G.**, Brūniņa-Buile M., Vīksna I., Mališevs A., Boikmanis G., Cīrule D., Antāne V., Kovaļenko K. Complex investigation about Q-fever distribution and risk factors in dairy cattle sheds in Latvia. International Scientific symposium “Science to strengthen sustainable and safe food systems”, 30-31. janvāris, 2020.gads, Rīga, Latvija. (mutisks ziņojums)

5. **Ringa-Karahona G.**, Brūniņa-Buile M., Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. *Coxiella burnetii* in dairy herds – dynamics of DNA quantity in milk. 14th International Scientific conference “Students on their way to science”, 26. aprīlis, 2019.gads, Jelgava, Latvija. (*mutisks ziņojums*)
6. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž. Serological response to *Coxiella burnetii* and pregnancy duration, age and outcome in cases of abortion and stillbirth in dairy cows. Proceedings of the 23rd Annual Conference of the European Society for Domestic Animal Reproduction (ESDAR), 19-21. septembris, 2019.gads, Sanktpēterburga, Krievija (*stenda ziņojums*)
7. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Trofimova J. *Coxiella burnetii* DNA in milk and phase-specific serological response related by age in dairy cows – preliminary results. 34th World Veterinary Association Congress, 5-8. maijs, 2018.gads, Barselona, Spānija (*stenda ziņojums*)
8. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L. *Coxiella burnetii* antigēna fāzes specifiskā imūnatbilde un pēcnācēja statuss slaucamām govīm Latvijā – sākotnējie rezultāti. Ražas svētki “Vecauce – 2018” Latvijai – 100, Lauksaimniecības izglītībai – 155, 1. novembris, 2018.gads, Vecauce, Latvija (*stenda ziņojums*)
9. **Ringa-Karahona G.**, Antāne V., Grantiņa-Ieviņa L., Šteingolde Ž., Trofimova J. *Coxiella burnetii* DNS izdalīšanās pienā un antigēna fāzes specifiskā imūnatbilde serumā slaucamo govju ganāmpulkos Latvijā. Dzīvnieki. Veselība. Pārtikas higiēna: konference “Veterinārmedicīnas zinātnes un prakses aktualitātes”, 24. novembris, 2017.gads, Jelgava, Latvija (*stenda ziņojums*)

MATERIĀLI UN METODIKA

Q drudža sastopamībai raksturīgie slaucamo govju ganāmpulku pārraudzības rādītāji

Slaucamo govju ganāmpulku atlase pārraudzības rādītāju salīdzināšanai

No 2020.gadā Latvijā kopā reģistrētā aptuveni 11800 liellopu novietņu skaita (www.ldc.gov.lv, resurss skafīts 03.03.2021.) pētījumam sākotnēji pēc nejaušības principa tika atlasītas kopā 200 novietnes (1,70%), no tām 100 Q drudža skartas, 100 neskartas. Novietņu reģistrācijas numuru pārbaude tika veikta Latvijas Lauksaimniecības Datu centrā (LDC). LDC ir Latvijas Republikas Zemkopības ministrijas pārraudzībā esoša valsts sabiedrība, dibināta

1997.gadā, lai veiktu zootehniska, veterināra un lauksaimnieciska rakstura informācijas apkopošanu, apstrādi un analīzi Latvijas Republikā ar mērķi ieviest vienotu dzīvnieku un ganāmpulku reģistru un ciltsdarba informācijas sistēmu saskaņā ar starptautiskām prasībām (<https://www ldc.gov.lv/lv/vesture>, resurss skatīts 03.03.2021). Pēc novietņu reģistrācijas numuru pārbaudes tālākam pētījumam kvalificējās 118 novietnes (no tām 60 Q drudža skartas, 58 neskartas), kas bija arīdzan piena pārraudzībā esoši slaucamo govju ganāmpulki. Pārējās novietnes nekvalificējās vairāku iemeslu dēļ: pārtraukts vai mainīts saimnieciskās darbības veids, novietne nav iekļauta piena pārraudzībā vai novietnes tips bija kautuve.

Tādējādi pētījumā tika izmantoti 118 slaucamo govju ganāmpulku (3,13% no kopā 3775 piena pārraudzībā esošiem slaucamo govju ganāmpulkiem) 2019.gada pārraudzības dati, kas iegūti LDC Reģistru un statistikas nodaļas 03.apakšsadaļas “Ciltsdarbs” 3.apakšpunktā “Pārraudzība” (<https://registri ldc.gov.lv/lv/parraudziba> resurss skatīts 03.03.2021). Pētījumā iekļautie ganāmpulki pārstāvēja 78 pagastus 23 novados no visiem četriem Latvijas reģioniem – Kurzemes, Vidzemes, Latgales, Zemgales.

Ganāmpulka statuss (Q drudža skarts/ neskarts) tika definēts saskaņā ar “BIOR” datu bāzē esošo informāciju, kas iekļāva piena (koppiena, apvienoto piena paraugu), abortējušo dzīvnieku seruma un abortu produktu izmeklējumu rezultātus. Par Q drudža skartiem ganāmpulkiem tika atzīti tādi, kuros dzīvniekiem konstatēta *C. burnetii* imūnatbilde (ELISA) vai *C. burnetii* klātbūtne (PCR), par neskartiem – ganāmpulki, kuros visi veiktie piena, seruma vai aborta produktu izmeklējumi bijuši *C. burnetii* negatīvi. Minētās “BIOR” datu bāzes izveide sāka 2012.gadā (Boroduske et al., 2017), šajā pētījumā izmantota informācija par ganāmpulkiem, kuros minētie izmeklējumi veikti līdz 2019.gada septembrim.

Salīdzinātie ganāmpulku pārraudzības rādītāji

Lai noskaidrotu, kādos slaucamo govju ganāmpulkos sastop Q drudzi, tika izvērtētas atšķirības starp visā Latvijas teritorijā lokalizētiem Q drudža skartajiem un neskartajiem ganāmpulkiem, salīdzinot tādus rādītājus, kā: dzīvnieku skaits dažādās grupās (teles, pirmpienes, pārējās, visas), izslaukums, tauku, olbaltumvielu, laktozes saturs pienā kilogramos un somatisko šūnu skaits (*1000) standartražībā, slaukšanas dienu skaits, pirmās apsēklošanas un pirmās atnešanās vecums telēm mēnešos, servisa un cietstāves perioda ilgums dienās un apsēklošanas reižu skaits uz grūsnību.

Ganāmpulku pārraudzības rādītāju datu apstrāde

Rādītāju aprakstošās statistikas (vidējais aritmētiskais un standartkļūda) aprēķini tika veikti **Jamovi** programmā. Ganāmpulku pārraudzības rādītāju

savstarpējai salīdzināšanai tika izmantots **Manna-Vitnija U tests Jamovi** programmā, un katram rādītājam noteikti: p-vērtība, U vērtība un efekta nozīmība jeb r vērtība (<0,3 maza, 0,3-0,5 vidēji liela, >0,5 liela nozīmība).

Q drudža izplatību iespējami veicinošie riska faktori un ietekme uz dzīvnieku reproduktīvo veselību

Ganāmpulku atlase Q drudža iespējami veicinošo riska faktoru un ar reprodukciju saistītu veselības rādītāju noteikšanai

Q drudža izplatību veicinošo riska faktoru un ar reprodukciju saistītu veselības rādītāju sastopamības biežuma noteikšanai tika izmantoti no 58 slaucamo govju ganāmpulkiem (no tiem 36 Q drudža skarti, 22 neskarti) iegūti aptaujas anketu dati. Aptaujas mērķis bija visi 118 pētījumā iekļautie ganāmpulki, atsauce tika saņemta no 58 respondentiem, kas sastāda 49,15% no pētījumam kopā atlasītajiem 118 slaucamo govju ganāmpulkiem. Aptaujātie ganāmpulki pārstāvēja 32 pagastus 17 novados no visiem četriem Latvijas reģioniem – Kurzemes, Vidzemes, Latgales, Zemgales.

Q drudža izplatību iespējami veicinošie riska faktori

Lai identificētu Q drudža izplatību iespējami veicinošos riska faktorus un to savstarpējo mijiedarbību, darbā tika vērtēti sekojoši saimniekošanas prakses faktori:

- vidējais slaucamo govju skaits ganāmpulkā, liellopu teritoriālais blīvums, dzīvnieku iegāde no citām saimniecībām (tai skaitā imports), vakcinācija un karantīna importētajiem dzīvniekiem, saimniecības vecums gados,
- mītnes un turēšanas veids, dzemdību zona, slimo, tai skaitā abortējušo dzīvnieku zona, ventilācija mītnē,
- pakaišu izvešanas biežums, dezinfekcijas līdzekļu lietojums atnešanās zonā, higiēnas pasākumi dzemdību palīdzības sniegšanā, placentas aizvākšanas laiks pēc atnešanās, rīcība aborta gadījumā, deratizācijas pasākumi, inventāra (tai skaitā lauksaimniecības tehnikas) lietojums, apgērba maiņa vai virsapgērba lietošana saimniecībā personālam un/ vai apmeklētājiem,
- mēslu izmantošana lauksaimniecības zemju uzlabošanai, ganību izmantošana, suņu, kaķu, aitu un kazu klātbūtne ganāmpulkā, ērcu piesūkšanās sastopamība govīm, mākslīgās apsēklošanas, veterinārmedicīnas un nagu griešanas pakalpojuma saņemšanas raksturs, saimniecības atvērtība apmeklētājiem, darbinieku skaits un nodarbinātības raksturs Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos.

Q drudža ietekme uz dzīvnieku reproduktīvo veselību

Lai noskaidrotu Q drudža ietekmi uz slaucamo govju reprodukciju, Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos tika apkopoti sekojoši ar reprodukciju saistīti veselības rādītāji:

- apgrūtinātu dzemdību īpatsvars, dvīņu īpatsvars, nedzīvi dzimušu pēcnācēju īpatsvars, abortu sastopamība un abortu cēloņi,
- augļa segu aiztures, akūta pēcdzemdību metrīta, klīniska un subklīniska endometrīta, pirms un pēcdzemdību gulēšanas, mastītu, pagarinātu dzimumciklu īpatsvars

un to sastopamības biežums, kā arī dzīvnieku piespiedu brāķēšanas apjoms un iemesli pēdējā gada laikā.

Ganāmpulku aptaujas veikšana

Ganāmpulku aptaujas anketā kopā 45 jautājumi tika apkopoti septiņās tematiskās sadaļās (ganāmpulka izveidošana/ papildināšana/ atjaunošana, mītņošana, higiēna, citi faktori, govju atnešanās pēdējā gada laikā, pēcdzemdību slimības pēdējā gada laikā, dzīvnieku piespiedu brāķēšana pēdējā gada laikā), katrā no tām 2 – 12 jautājumi gan ar 1 – 6 gataviem atbilžu variantiem, gan atvērta tipa jautājumi.

Slaucamo govju ganāmpulku īpašnieku, saimniecības vadītāju vai apkalpojošo veterinārārstu aptauja tika veikta 2019. – 2022. gadā. Aptaujas anketas tika aizpildītas gan manuāli papīra formātā, aptaujājot ganāmpulku apkalpojošo veterinārārstu/ saimniecības pārstāvi/ īpašnieku telefoniski vai klātienē, gan elektroniski, respondentiem aizpildot aptaujas anketu vietnē Google (<https://docs.google.com/forms>).

Atbildes uz anketas jautājumiem par ganāmpulka izveidošanu/ papildināšanu/ atjaunošanu, mītņošanu, higiēnu un citiem faktoriem tika iegūtas no saimniecību iekšējās dokumentācijas, rutīnas darbību protokoliem un/ vai respondentu personīgajiem novērojumiem. Atsevišķos ganāmpulkos atbildes uz vizuāli novērojamiem parametriem (saistībā ar mītņošanu, higiēnu un citiem faktoriem) tika iegūtas arī klātienēs vizītēs. Dati par slaucamo govju skaitu un liellopu teritoriālo blīvumu tika iegūti LDC datu bāzē.

Atbildes uz anketas jautājumiem par govju atnešanos, pēcdzemdību slimībām un dzīvnieku piespiedu brāķēšanu pēdējā gada laikā tika iegūtas, apkopojot datus no saimniecību iekšējiem pierakstiem papīra formātā vai elektroniskajām datu bāzēm.

Aptaujas anketu datu apstrāde

Ganāmpulku aptaujas anketu rezultāti tika apstrādāti, izmantojot **Binomiālās Loģistiskās regresijas** metodi **Jamovi** programmā. Sākotnēji tika noteikta katras pazīmes p-vērtība un izredzes koeficients pie 95% ticamības intervāla. Pēc tam tika veikta modelēšana, nosakot divu loģiski saistītu mainīgo pazīmju savstarpējo mijiedarbību. Statistiski nozīmīgos modeļos noteikti: Akaike Informācijas koeficients (AIC), χ^2 , Z un p-vērtības, izredzes koeficients pie 95% ticamības intervāla un tā izmaiņas.

Coxiella burnetii imūnatbilde serumā un klātbūtne pienā individuālo dzīvnieku paraugos

Ganāmpulku atlase individuālo dzīvnieku paraugu ievākšanai

Coxiella burnetii imūnatbilde serumā un klātbūtne pienā individuālo dzīvnieku paraugos tika noteikta, lai noskaidrotu **Q drudža statusu** dzīvniekiem ar un bez reprodukcijas traucējumiem anamnēzē un **Q drudža izplatības raksturu** ganāmpulkā.

Individuālo dzīvnieku paraugi tika ievākti 15 Q drudža skartos ganāmpulkos, aptverot 12,71% no pētījumam kopā atlasītajiem 118 slaucamo govju ganāmpulkiem. Paraugi tika ievākti katrā no ganāmpulkiem divas reizes ar 7 – 13 mēnešu intervālu. Šajā pētījuma aktivitātē iekļautie ganāmpulki pārstāvēja 15 pagastus 7 novados no visiem četriem Latvijas reģioniem – Kurzemes, Vidzemes, Latgales, Zemgales.

Individuālo paraugu ievākšanas metodika

Individuālo dzīvnieku piena un asins paraugi tika ievākti katrā ganāmpulkā no 6 – 10 dzīvniekiem. Dzīvnieku atlase tika veikta pēc nejaušības principa, iekļaujot dažādu vecumu un laktācijas dzīvniekus. Lai noskaidrotu **Q drudža statusu** dzīvniekiem ar un bez reprodukcijas traucējumiem, sākotnēji nejauši atlasītajiem dzīvniekiem LDC datu bāzē tika iegūta reprodūktīvā anamnēze, un, balstoties uz to, mērķa dzīvnieki iedalīti grupās “Dzīvnieki ar reprodukcijas problēmām anamnēzē” un “Kontroles dzīvnieki bez reprodukcijas problēmām anamnēzē”. Šāda paraugu ievākšanas shēma izstrādāta saskaņā ar Eiropas Pārtikas nekaitīguma iestādes ziņojumā ieteikto (*European Food Safety Authority (EFSA) – angl.*) Pasīvo monitoringa shēmu liellopiem (Sidi-Boumedine et al., 2010).

Grupā “Dzīvnieki ar reprodukcijas problēmām anamnēzē” no katra ganāmpulka sākotnēji tika atlasīti divi līdz četri dzīvnieki, kam vairākkārt veikta mākslīgā apsēklošana un novēroti pagarināti dzimumcikli (virs 23 vai 48

dienām), anamnēzē aborti vai nedzīvi dzimuši pēcnācēji, kā arī minēto problēmu kombinācijas. Šajā grupā bija ietvertas gan grūsnas teles (n=16), gan slaucamās govīs (n=50) no pirmās līdz sestajai laktācijai, kopā 66 dzīvnieki.

Grupā “Kontroles dzīvnieki bez reprodukcijas problēmām anamnēzē” no katra ganāmpulka sākotnēji tika atlasīti seši līdz astoņi dzīvnieki bez iepriekš minētajām reprodukcijas problēmām (vairākkārtēja maksīgā apsēklošana, pagarināti dzimumcikli, aborti, nedzīvi pēcnācēji). Arī šajā grupā bija ietvertas gan grūsnas teles (n=16), gan slaucamās govīs (n=58) no pirmās līdz septītajai laktācijai, kopā 74 dzīvnieki.

Kopā sākotnēji tika ievākti 140 asins un 103 piena paraugi. Sākotnējā paraugu ievākšanas reizē no grūsnām telēm ievākti tikai asins paraugi, no slaucamām govīm – asins un piena paraugi. Sākotnējā paraugu ievākšana notika pamīšus dažādos ganāmpulkos laika periodā no 2017. – 2019.gadam.

Lai noskaidrotu **Q drudža izplatības raksturu** ganāmpulkā, individuālie paraugi tika ievākti arī atkārtoti pēc 7 – 13 mēnešiem. Šajā laika periodā visas grūsnās teles bija atnesušās, kļūstot par pirmpienēm. Arīdzan šajā laika periodā 25 dzīvnieki bija nobeigušies vai dažādu iemeslu (apgrūtinātas dzemdības ar sekojošu pakalķāju parēzi, klibums, zema produktivitāte, glumnieka čūla un citi, bez viena dominējošā iemesla) dēļ tikuši nokauti. Tā kā uz atkārtoto paraugu ievākšanas reizi visas grūsnās teles bija atnesušās, no visiem dzīvniekiem tika ievākti asins un piena paraugi, izņemot govīs, kam bija cietstāves periods. Kopā atkārtoti paraugi tika ievākti no 115 govīm. No tām 62 govīm turpinājās esošā laktācija, 32 govīm bija sākta jauna laktācija, 21 govij bija cietstāves periods. Līdz ar to atkārtoti tika ievākti 115 asins un 94 piena paraugi. Atkārtotā paraugu ievākšana notika pamīšus dažādos ganāmpulkos laika periodā no 2018. – 2020. gadam.

Jāpiebilst, ka sākotnējo izmeklējumu rezultāti tika ziņoti dzīvnieku īpašniekiem, un, iespējams, atsevišķos ganāmpulkos tas bija motivējošs iemesls Q drudža pozitīvo dzīvnieku brāķēšanai ar mērķi samazināt slimības izplatību ganāmpulkā.

Individuālo dzīvnieku izmeklēšana un paraugu ievākšana

Pirms piena un asins paraugu ievākšanas visiem dzīvniekiem tika veikta vispārējā klīniskā izmeklēšana. Visi pētījumam atlasītie dzīvnieki tika atzīti par klīniski veselīgiem, tādēļ paraugu ievākšana tika veikta saskaņā ar sākotnējo plānu. Sākotnējā paraugu ievākšanas reizē slaucamās govīs bija dažādās laktācijas fāzēs (no 4 – 90 dienām pēc atnešanās), grūsnās teles bija 8. – 9. grūsnības mēnesī. Atkārtotajā paraugu ievākšanas reizē visas grūsnās teles bija atnesušās, kļūstot par slaucamajām govīm, kā arī pēc iepriekšējās atnešanās bija veikta maksīgā apsēklošana un iestājušās jaunas grūsnības. Līdz ar to visas govīs bija dažādās pēcdzemdību perioda (no 3 – 250 dienām pēc atnešanās) vai jaunas grūsnības

(42 – 268 dienas) fāzēs. Reproductīvā trakta izmeklējumu atradumi atbilda attiecīgajai fāzei, taču nebija savstarpēji salīdzināmi.

Veicot veterinārās procedūras pētījuma dzīvniekiem, tika ievērotas ētikas normas un labas veterinārās prakses principi un vadlīnijas. **Asins paraugi** tika ievākti labi fiksētiem dzīvniekiem, tādējādi nodrošinot asins parauga ieguvu ar precīzu, vienreizēju adatas ievadīšanu. **Piena paraugi**, atkarībā no saimniekošanas prakses (slaukšanas zālē nepiesietās turēšanas ganāmpulkos vai stāvvietā piesietās turēšanas ganāmpulkos), tika ievākti pēc atbilstošas tesmeņa un pupu sagatavošanas slaukšanai. Pēc parauga ieguves, lai dzīvniekam netiktu ietekmēts piena atdeves reflekss, notika rutīnas slaukšana. Veterināro procedūru veikšanai saskaņā ar darba izstrādes laikā spēkā esošo Dzīvnieku aizsardzības likumu (Latvijas Vēstnesis, 1999) speciāla atļauja nebija nepieciešama.

Asins paraugi tika ievākti pa 3 mL no astes vēnas sterilos vakutaineros ar recēšanas aktivatoru. Pirms parauga ievākšanas astes āda punkcijas apvidū tika attīrīta ar 70% etanolā samitrinātu auduma salveti. Asins paraugi tika ievākti ar 21G vakutainera adatu. Pēc parauga ievākšanas tika veikta īslaicīga (ap 10 sekundēm) punkcijas vietas kompresija ar sterilu marles tamponu, lai nodrošinātu asiņošanas apstāšanos. **Piena paraugi** tika ievākti sterilos plastikāta konteineros pa 20 mL no četriem tesmeņa ceturkšņiem. Pirms parauga ievākšanas tika veikta pupu galu tīrīšana vispirms ar sausu, pēc tam ar 70% etanolā samitrinātu auduma salveti un pirmo strūklu atslaukšana. Pēc paraugu ievākšanas nekavējoties tika turpinātas manipulācijas, lai veiktu rutīnas slaukšanu (slaukšanas stobriņu uzlikšana).

Pēc ievākšanas piena un asins paraugi tika nekavējoties atdesēti līdz +4°C, nogādāti Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības un vides zinātniskā institūta “BIOR” Mikrobioloģijas un patoloģijas laboratorijā, un izmeklējumi veikti 48 stundu laikā pēc paraugu ievākšanas.

Individuālo dzīvnieku paraugu testēšana

C. burnetii **antigēna fāzes specifiskā imūnatbilde serumā** tika noteikta ar ELISA metodi, lietojot „VetLine Coxiella Phase 1 ELISA” un „VetLine Coxiella Phase 2 ELISA” komplektus (NovaTec, Vācija). Abu testu jutība 96.20%, specifiskums 94.47%. Atbilstoši pielietoto testu lietošanas instrukcijas norādēm tika veikta seruma paraugu sagatavošana, izmeklēšana, rezultātu nolasīšana, aprēķināšana un interpretācija.

Daļā pētījuma *C. burnetii* **kopīgā (I un II fāzes antigēna) imūnatbilde serumā** tika noteikta arī, izmantojot *ID Screen Q Fever Indirect Multi-species ELISA* testu (ID Vet, Francija). Testa jutība 100%, specifiskums 100%. Atbilstoši pielietotā testa lietošanas instrukcijas norādēm tika veikta seruma paraugu sagatavošana, izmeklēšana, rezultātu nolasīšana, aprēķināšana un interpretācija.

Piena paraugos *C. burnetii* klātbūtne tika noteikta molekulārbioloģiski ar reālā laika polimerāzes ķēdes reakciju (*Polymerase chain reaction – PCR, angl.*). Atbilstoši pielietotā ADIAVET™ COX REALTIME Test for the detection of *Coxiella burnetii* by real-time enzymatic DNA amplification (PCR test) (Bio-X Diagnostics, Francija) lietošanas instrukcijas norādēm tika veikta ievākto piena paraugu sagatavošana, *C. burnetii* DNS ekstrahēšana un attīrīšana, amplifikācija un rezultātu interpretācija.

Individuālo paraugu rezultātu datu apstrāde

Dzīvnieku brāķēšanas iemeslu starp Q drudža skartiem/ neskartiem ganāmpulkiem un *C. burnetii* imūnatbildes un klātbūtnes dinamikas vērtēšanai tika izmantots **Z-tests divu paraugkopu proporciju salīdzināšanai** vietnē **Social Science Statistics 2020**.

Turpmākais reproduktīvais sniegums un produktivitāte dzīvniekiem pēc aborta ar *Coxiella burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni

Ganāmpulku un dzīvnieku atlase turpmākā reproduktīvā snieguma un produktivitātes vērtēšanai pēc aborta ar *Coxiella burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni

Turpmākā reproduktīvā snieguma un produktivitātes izvērtēšanai kopā tika atlasīti 297 dzīvnieki piecos no iepriekšējās aktivitātēs iekļautajiem slaucamo govju ganāmpulkiem (A, B, C, D un E), kuros laika periodā no 2016. – 2019.gadam tika reģistrēts aborts un saskaņā ar Dzīvnieku infekcijas slimību valsts uzraudzības plānu testēta *C. burnetii* imūnatbilde vai klātbūtne. A, B, C, D un E ganāmpulkos šajā laika periodā vidējais slaucamo govju skaits bija attiecīgi 658, 154, 387, 534 un 728, izslaukums pārraudzības periodā attiecīgi 11427, 8710, 9572, 8097 un 10431 kg. No šiem pieciem ganāmpulkiem 2016. – 2019. gada laikā tika izmeklēti 361 abortējušu dzīvnieku seruma paraugs (no A, B, C, D un E ganāmpulkiem attiecīgi 201, 30, 33, 30 un 67) un 104 dzīvnieku aborta produktu (auglis, augļa iekšējie orgāni, placenta) paraugi (attiecīgi 55, 23, 11, 14 un 1). No 361 testētā seruma parauga *C. burnetii* pozitīvi bija 139 (38,50%), un no 104 testēto aborta produktu paraugiem *C. burnetii* pozitīvi bija 36 (34,62%) dzīvnieku paraugi. Pētījuma aktivitātei tika atlasīti visi PCR pozitīvie (n=36) un PCR negatīvie (n=67), kā arī nejausi izvēlēti ELISA pozitīvie (n=112) un ELISA negatīvie (n=82) dzīvnieki. Kopā pētījuma aktivitātē tātad tika iekļauti 148 *C. burnetii* pozitīvi dzīvnieki (imūnatbilde vai klātbūtne), to skaitā 29 grūsnas teles un 119 slaucamās govīs no 1. – 7. laktācijai un 149

C. burnetii negatīvi (imūnatbilde vai klātbūtne) dzīvnieki, to skaitā 38 grūsnas teles un 111 slaucamās govīs no 1. – 8. laktācijai.

Noteiktie reprodukcijas un produktivitātes rādītāji

Abortējušajiem dzīvniekiem tika apkopoti rādītāji par **laiku, kad notika aborts** (laktācija un grūsnības ilgums mēnešos aborta brīdī), **turpmāko iznākumu** (brāķēšana, slaukšana), **reproduktīvo sniegumu** (mākslīgās apsēklošanas reižu skaits uz grūsnību, grūsnības iestāšanās no pirmās mākslīgās apsēklošanas, pagarinātu dzimumciklu sastopamība, servisa periods, laiks līdz pirmajai mākslīgai apsēklošanai jaunā laktācijā, grūsnības iestāšanās līdz 150 dienām pēc atnešanās un nākamā pēcnācēja statuss pēc aborta grūsnības) un **produktivitāti** (izslaukums, tauku, olbaltumvielu, laktozes un somatisko šūnu skaits standartlaktācijā) **pēc aborta**.

Turpmākā reproduktīvā snieguma un produktivitātes izvērtēšana dzīvniekiem pēc aborta ar *C. burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni

Šai pētījuma aktivitātei atlasīto 297 dzīvnieku individuālie dati par **abortu, iznākumu pēc aborta, turpmāko reproduktīvo sniegumu un produktivitāti** tika ievākti LDC datu bāzes autorizētajā sadaļā no individuālajām dzīvnieku kartītēm. Katra dzīvnieka individuālie **reprodukcijas** (servisa periods, mākslīgās apsēklošanas reižu skaits uz grūsnību) un **produktivitātes** (izslaukums, tauku, olbaltumvielu, laktozes un somatisko šūnu skaits standartlaktācijā) **rādītāji** tika salīdzināti gan starp *C. burnetii* pozitīvajiem un negatīvajiem dzīvniekiem, gan ar katra individuālā dzīvnieka turēšanas ganāmpulka attiecīgā gada vidējiem rādītājiem, kas ievākti LDC Reģistru un statistikas nodaļas 03.apakšsadaļas “Ciltsdarbs” 3.apakšpunktā “Pārraudzība” (<https://registri ldc.gov.lv/lv/parraudziba>). Somatisko šūnu skaits (*1000 šūnas/mL) tika konvertētas logaritmiskajās vienībās (log (2)) saskaņā ar Shook (1993) un Shook (1993).

Tādi reprodukcijas rādītāji, kas pārraudzības datus netiek apkopoti ganāmpulka līmenī (grūsnības iestāšanās no pirmās mākslīgās apsēklošanas, pagarinātu dzimumciklu sastopamība, laiks līdz pirmajai mākslīgai apsēklošanai jaunā laktācijā, grūsnības iestāšanās līdz 150 dienām pēc atnešanās un nākamā pēcnācēja statuss pēc aborta grūsnības) tika salīdzināti tikai starp *C. burnetii* pozitīvajiem un negatīvajiem dzīvniekiem.

Turpmākā reproduktīvā snieguma un produktivitātes pēc aborta datu apstrāde

Rādītāju aprakstošās statistikas (vidējais aritmētiskais un standartkļūda) aprēķini tika veikti **Jamovi** programmā. Vidējā laktāciju skaita, grūsnības ilguma mēnešos aborta brīdī un reprodukcijas rādītāju savstarpējai salīdzināšanai tika

izmantots **Manna-Vitnija U tests Jamovi** programmā, un katram rādītājam noteikti: p-vērtība, U vērtība un efekta nozīmība jeb r vērtība ($<0,3$ maza, $0,3-0,5$ vidēji liela, $>0,5$ liela nozīmība).

Laktāciju skaita un grūsnības ilguma mēnešos aborta brīdī, iznākuma pēc aborta starp *C. burnetii* pozitīvu/ negatīvu dzīvnieku grupām salīdzināšanai tika izmantots **Z-tests divu paraugkopu proporciju salīdzināšanai** vietnē **Social Science Statistics 2020**.

Katra abortējušā dzīvnieka (gan *C. burnetii* pozitīvā, gan negatīvā) reprodukcijas un produktivitātes rādītāji, ņemot vērā govu laktāciju skaitu, salīdzināti ar ganāmpulka vidējiem reprodukcijas un produktivitātes rādītājiem attiecīgajā gadā ar **vienas paraugkopas t-testu** datorprogrammā **Stata** (StataCorp LP, 4905 Lakeway Drive, College Station TX77845, USA, version Stata BE 18.0 for Windows). Pēc aborta *C. burnetii* pozitīvā statusa, jaunas laktācijas sākšanās un ganāmpulku individuālo atšķirību ietekme vienlaicīgi uz visiem ražības rādītājiem (standartlaktācijas izslaukums, piena tauki, olbaltumvielas un somatisko šūnu skaits) novērtēta ar **daudzvariāciju dispersijas analīzi MANOVA**.

PĒTĪJUMA REZULTĀTI UN DISKUSIJA

Ganāmpulku pārraudzības rādītāji

Visu 118 pētījumā iekļauto slaucamo govju ganāmpulkiem tika veikts dzīvnieku (teles, pirmpienes, pārējās, visas) skaita, izslaukuma, piena satura rādītāju (tauki, olbaltumvielas, laktoze, somatisko šūnu skaits) un reprodukcijas rādītāju (pirmās mākslīgās apsēklošanas un pirmās atnešanās vecums telēm, servisa (bezgrūsnības) un cietstāves periods, slaukšanas dienu skaits un mākslīgās apsēklošanas reižu skaits uz grūsnību) salīdzinājums no 2019. gada pārraudzības datiem, un septiņos rādītājos tika konstatētas būtiskas atšķirības.

Salīdzinot Q drudža skartos un neskartos ganāmpulkus pēc **dzīvnieku skaita** tajos, tika konstatēts, ka Q drudža skartie ganāmpulki ir būtiski ($p<0,001$) lielāki par neskartajiem, vērtējot visās dzīvnieku grupās: teles ($94,60\pm 14,70$ skartajos ganāmpulkos un $12,50\pm 3,08$ neskartajos), pirmpienes (attiecīgi $74,60\pm 10,60$ un $12,60\pm 2,62$), pārējās (attiecīgi $113,30\pm 14,40$ un $24,60\pm 4,04$) un visas (attiecīgi $1890\pm 24,50$ un $37,20\pm 6,45$). Vairāki autori pētījumos arī iepriekš uzsvēruši lielu dzīvnieku skaitu ganāmpulkā (kas pārsniedz 100 – 200 dzīvniekus) kā būtisku atšķirību un iespējamu riska faktoru slimības sastopamībā, piemēram, Ziemeļīrijā (Ryan et al., 2011), Īrijā (McCaughy et al., 2010), Dānijā (Paul et al., 2012), Nīderlandē (van Engelen et al., 2014), Portugālē (Anastácio et al.,

2016), Itālijā (Barlozzari et al., 2020), Spānijā (Alvarez et al., 2012), Igaunijā (Neare et al., 2023) un Latvijā (Boroduske et al., 2017, Grantiņa-Ieviņa et al., 2021). Tas skaidrojams ar apstākli, ka lielāks ganāmpulks var veicināt ilgāku *C. burnetii* cirkulāciju ārvīdē, ekspozīcijai pakļaujot vairāk dzīvniekus.

Apkopojot **izslaukuma** jeb ražības rādītājus standartlaktācijā dažādām govju grupām (pirmpienes, pārējās, visas) tika konstatēts, ka Q drudža skartajos ganāmpulkos visās govju grupās izslaukums ir būtiski ($p < 0,001$) augstāks kā neskartajos ganāmpulkos. Pirmpienēm izslaukums standartlaktācijā Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos bija attiecīgi 7915,00±243,00kg un 5966,00±311,00kg, pārējām attiecīgi 9192,00±290,00kg un 7333,00±242,00kg, visām attiecīgi 8715,00±264,00kg un 7042,00±219,00kg.

Salīdzinot **tauku saturu** pienā standartlaktācijā dažādām govju grupām (pirmpienes, pārējās, visas), tika konstatēts, ka Q drudža skartajos ganāmpulkos tauku saturs pienā ir būtiski ($p < 0,001$) augstāks visās govju grupās kā neskartajos ganāmpulkos. Pirmpienēm tauku saturs pienā standartlaktācijā Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos bija attiecīgi 312,00±7,82kg un 239,00±12,42kg, pārējām attiecīgi 372,00±9,71kg un 302,00±9,95kg, visām attiecīgi 350,00±8,53kg un 288,00±8,90kg.

Salīdzinot **olbaltumvielu saturu** pienā standartlaktācijā dažādām govju grupām (pirmpienes, pārējās, visas), tika konstatēts, ka Q drudža skartajos ganāmpulkos olbaltumvielu saturs pienā ir būtiski ($p < 0,001$) augstāks visās govju grupās kā neskartajos ganāmpulkos. Pirmpienēm olbaltumvielu saturs pienā standartlaktācijā Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos bija attiecīgi 260,00±8,59kg un 191,00±10,23kg, pārējām attiecīgi 306,00±9,90kg un 240,00±8,17kg, visām attiecīgi 289,00±9,12kg un 229,00±7,44kg.

Salīdzinot **laktozes saturu** pienā standartlaktācijā dažādām govju grupām (pirmpienes, pārējās, visas), tika konstatēts, ka Q drudža skartajos ganāmpulkos laktozes saturs pienā ir būtiski ($p < 0,001$) augstāks visās govju grupās kā neskartajos ganāmpulkos. Pirmpienēm laktozes saturs pienā standartlaktācijā Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos bija attiecīgi 376,00±13,70kg un 244,00±16,60kg, pārējām attiecīgi 425,00±16,10kg un 306,00±14,90kg, visām attiecīgi 406,00±14,90kg un 292,00±13,90kg.

Attiecībā uz **produktivitātes rādītājiem** (izslaukumu, tauku, olbaltumvielu un laktozes saturu pienā standartlaktācijā), tika noskaidrots, ka mūsu pētījumā būtiski augstāki šie rādītāji visās govju grupās (pirmpienes, pārējās, visas) ir Q drudža skartajos ganāmpulkos. Ņemot vērā, ka augstražīgas govīs un ganāmpulki ir ilgtspējīgāki, jo katrs saražotā piena (tai skaitā tauku, olbaltumvielu un laktozes) kilograms atstāj mazāku ietekmi uz apkārtējo vidi kā mazražīgās govīs un ganāmpulki, nākotnē paredzama augstražīgu ganāmpulku izkopšana ģenētiski, ar labturības rādītāju attālinātu uzraudzību, barības devu aprēķināšanu mikroelementu līmenī, uz profilaksi vērstu govju veselības uzraudzību un

precīza reprodukcijas snieguma mēdžmentu (Britt et al., 2021). Līdz ar to jāreķinās, ka uzmanība vēršama arī infekcijas slimību ierobežošanas virzienā.

Salīdzinot **somatisko šūnu skaitu** pienā standartlaktācijā dažādām govju grupām (pirmpienes, pārējās, visas), statistiski nozīmīga atšķirība pirmpienu un pārējo govju grupām Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos netika konstatēta ($p>0,05$). Pirmpienu grupā somatisko šūnu skaits standartlaktācijā vidēji bija $97,70\pm 7,01$ Q drudža skartajos un $140,00\pm 28,4$ neskartajos ganāmpulkos, pārējām attiecīgi $193,10\pm 20,25$ un $232,00\pm 18,70*1000$ šūnas/mL. Somatisko šūnu skaita būtiska ($p=0,03$) atšķirība tika konstatēta visu govju grupā, attiecīgi $169,90\pm 18,98$ Q drudža skartajos un $212,00\pm 17,10*1000$ šūnas/mL neskartajos ganāmpulkos. Ir plaši pētījumi par *C. burnetii* izdalīšanos ar pienu slaucamām govīm apvienotā piena paraugos (*bulk tank milk – BTM, angl.*), kuros ar PCR metodi noteikta Q drudža ierosinātāja DNS klātbūtne, un zināms arī, ka ierosinātājs ar pienu var izdalīties gan pastāvīgi, gan sporādiski (Guatteo et al., 2007). Mazāk ir pētījumu, kas skaidro tieši *C. burnetii* klātbūtnes pienā saistību ar klīniskiem un subklīniskiem mastītiem, kas raksturojas ar paaugstinātu SŠS pienā. Tiesa, tas ir sarežģīti arī ierosinātāja sporādiskā izdalīšanās rakstura dēļ. Neraugoties uz to, ir pētījumi, kas atklāj ciešu *C. burnetii* klātbūtnes pienā saistību ar hroniskiem subklīniskiem mastītiem slaucamām govīm (Barlow et al., 2008). Mūsu pētījumā pārējās govju grupās atšķirība SŠS starp skartajiem un neskartajiem ganāmpulkiem nebija būtiska, kas vedina domāt, ka *C. burnetii* klātbūtne tesmeņa veselību ganāmpulka līmenī būtiski nepasliktināja. Taču šis jautājums – sakarība starp *C. burnetii* klātbūtni pienā un mastītu, kas raksturojas ar paaugstinātu SŠS, paliek atvērts turpmākiem pētījumiem

Salīdzinot **slaukšanas dienu skaitu** dažādām govju grupām, statistiski nozīmīgas atšķirības netika konstatētas nevienai no tām ($p>0,05$). Pirmpienēm Q drudža skartajos ganāmpulkos vidējais slaukšanas dienu skaits bija $389,00\pm 6,39$ un neskartajos $355,00\pm 16,57$, pārējām attiecīgi $378,00\pm 5,02$ un $385,00\pm 7,90$, visām attiecīgi $382,00\pm 5,08$ un $389,00\pm 7,13$.

Salīdzinot **pirmās mākslīgās apsēklošanas un pirmās atnešanās vecumu telēm**, Q drudža skartajos ganāmpulkos tie bija augstāki, attiecīgi $15,38\pm 0,37$ un $26,39\pm 0,63$ mēneši un neskartajos ganāmpulkos attiecīgi $13,08\pm 0,82$ un $22,23\pm 1,48$ mēneši, taču atšķirība starp rādītājiem nebija statistiski nozīmīga ($p>0,05$). Optimāla auglība un augstāks piena izslaukums pirmajā laktācijā tiek sasniegts, ja telēm pirmās atnešanās vecums ir 24 – 25 mēneši, taču teles, kam pirmā atnešanās notiek jau 22 – 23 mēnešu vecumā, uzrāda vislabākos izslaukuma un dzīvildzes rādītājus pirmo piecu gadu laikā, kas, iespējams, skaidrojams sekojoši – ja telei ir laba reproduktīvā veselība, tai ir tendence saglabāties (Wathes et al., 2008). Savukārt, ja telei augšana bijusi traucēta, to iespējams apsēklot lielākā vecumā, nepieciešams lielāks apsēklošanas reīzu

skaits, pirmā atnešanās notiek vēlāk un ir traucēts tās turpmākais produktīvais sniegums (Wathes et al., 2008).

Salīdzinot **servisa (bezgrūsnības)** un **cietstāves perioda** ilgumu, abos no tiem zemāki rādītāji tika konstatēti Q drudža skartajos ganāmpulkos (attiecīgi 148,27±5,33 un 60,07±1,57 dienas), taču atšķirība no Q drudža neskartajiem ganāmpulkiem (attiecīgi 152,83±8,44 un 63,59±1,91 dienas) nebija statistiski nozīmīga ($p>0.05$).

Vērtējot **mākslīgās apsēklošanas reižu skaitu uz grūsnību**, Q drudža skartajos ganāmpulkos tas tika konstatēts kā būtiski augstāks ($p<0,001$), proti, sliktāks (2,10±0,05), salīdzinot ar Q drudža neskartajos ganāmpulkos konstatēto 1,76±0,06. Par labu MA reižu skaitu uz grūsnību tiek uzskatīts 1,6 reizes, par vidēju 1,6 – 1,8 reizes, par akceptējamu ap 2 reizēm, bet 3 un vairāk MA reižu skaits uz grūsnību tiek uzskatīts par sliktu rādītāju (Siatka et al., 2017). Zināms, ka apsēklošanas reižu skaits uz grūsnību, tāpat kā dienu skaits no atnešanās līdz pirmajai MA palielinās līdz ar dzīvnieku vecumu (Mutmainna et al., 2022).

Apkopojot nodaļā iepriekšminēto, kā būtiski atšķirīgi un ar nozīmību no vidēji lielās līdz lielai Q drudža skartajos ganāmpulkos standartlaktācijā tika konstatēti sekojoši rādītāji: augstāks izslaukums, augstāks tauku, olbaltumvielu un laktozes saturs. Q drudža skartajos ganāmpulkos būtiski zemāks, taču ar mazu nozīmību visu govju grupā tika konstatēts somatisko šūnu skaits. Būtiska atšķirība ar lielu nozīmību bija arī lielāks dzīvnieku skaits visās dzīvnieku grupās Q drudža skartajos ganāmpulkos. Nebūtiski zemāks un ar mazu nozīmību Q drudža skartajos ganāmpulkos tika konstatēts arī servisa (bezgrūsnības) un cietstāves periodu garums. Nebūtiskas un ar mazu nozīmību atšķirības starp Q drudža skartajiem un neskartajiem ganāmpulkiem tika konstatētas arī slaukšanas dienu skaitā visām govju grupām. Savukārt Q drudža neskartajos ganāmpulkos kā būtiski labāks un ar vidēji lielu nozīmību tika konstatēts zemāks mākslīgās apsēklošanas reižu skaits uz grūsnību un zemāks (tiesa, nebūtiski un ar mazu nozīmību) pirmās mākslīgās apsēklošanas un pirmās atnešanās vecums telēm.

Q drudža izplatību slaucamo govju ganāmpulkā iespējami veicinošie riska faktori

Apkopojot ganāmpulku aptaujas rezultātus, tika noskaidroti vairāki statistiski nozīmīgi Q drudža izplatību iespējami veicinošie riska faktori un to kombinācijas (aprakstīti statistiski nozīmīgie modeļi ($p<0,05$)).

Tāpat kā ganāmpulku pārraudzības rezultātu izpēte, arī ganāmpulku aptauja kā būtiskāko atšķirību un ($p=0,004$) iespējamo riska faktoru Q drudža sastopamībai ganāmpulkā parādīja lielu **slaucamo govju skaitu**. Aptaujā

iekļautajās Q drudzā skartajās saimniecībās tas bija vidēji $370,00 \pm 66,10$ (min 15, max 1963) govīs, savukārt neskartajās vidēji $39,00 \pm 5,48$ (min 3, max 107) govīs. Rezultāts atklāja, ka, slaucamo govju ganāmpulkam palielinoties par vienu dzīvnieku, saslimstības ar Q drudzi iespēja palielinājās par 5%. Šie rezultāti apliecināja pārraudzības datu izpētē konstatēto, ka lielāks dzīvnieku skaits saistāms ar augstāku Q drudzā sastopamību.

Darbā tika konstatēts, ka **liellopu teritoriālais blīvums** ir būtisks ($p=0,01$) iespējamais riska faktors Q drudzā izplatībā – slimības skartajās teritorijās dzīvnieku blīvums vidēji bija $9,91$ dzīvnieks/ km^2 , savukārt neskartajās attiecīgi $6,61$ dzīvnieks/ km^2 . Liellopu blīvumam palielinoties par vienu vienību (dzīvnieku/ km^2), Q drudzā izplatības risks ganāmpulkā pieauga par 45%. Tas saskanēja ar citu autoru pētījumiem, kuros palielināts liellopu teritoriālais blīvums ticis identificēts kā slimības izplatību veicinošs riska faktors arī, piemēram, Zviedrijā (Nusinoviči et al., 2015), Francijā (Pandit et al., 2016) un Dānijā (Agger & Paul, 2014b).

Ja saimniecībā **tika iepirkti dzīvnieki**, iespēja, ka ganāmpulks būs Q drudzā pozitīvs, pieauga par 80%. Turklāt, ja **iepirktie dzīvnieki tika importēti** no ārzemēm, Q drudzā sastopamības iespēja palielinājās par 94%, taču abi šie faktori nebija statistiski nozīmīgi ($p>0,05$). Ironiskā kārtā, veicot **vaksināciju un/ vai karantīnu iepirktajiem dzīvniekiem**, Q drudzā sastopamības iespēja ganāmpulkā palielinājās par 50%, taču arī šis rādītājs nebija statistiski nozīmīgs ($p>0,05$). **Saimniecības vecums gados** Q drudzā neskartajos ganāmpulkos vidēji bija 19,47 un skartajos attiecīgi 17,06 gadi, arī šī atšķirība nebija būtiska ($p>0,05$).

Atsevišķa atnešanās (dzemdību) zona Q drudzā neskartajos ganāmpulkos bija 18,18% ganāmpulku, turpretī Q drudzā skartajos – attiecīgi 66,67%. Atsevišķas dzemdību zonas esamība palielināja Q drudzā sastopamības iespēju ganāmpulkā 9 reizes un bija vērtējama kā būtisks ($p<0,001$) iespējamais riska faktors slimības izplatībā. Ņemot vērā, ka piesietās turēšanas veids slaucamo govju ganāmpulkos ir izzūdoša prakse, kļūst skaidrs, ka slimības ierobežošanas pasākumi jāvērs arī uz drošu atnešanās vides iekārtošanu un aprīkošanu nepiesietās turēšanas mītnēs.

Atsevišķa atnešanās zona kombinācijā ar atsevišķu slimo, tai skaitā abortējušo dzīvnieku zonu ganāmpulka iespēju būt Q drudzā pozitīvam palielināja vēl par 47,2% (95%CI (1,73-51,86)), kas bija statistiski nozīmīgi ($p=0,01$). Savukārt, ja novietnēs ar atsevišķu atnešanās zonu tajās tika lietoti dezinfekcijas līdzekļi, Q drudzā sastopamības iespēja samazinājās līdz 7,66 reizēm.

Mākslīgā ventilācija (elektriskie ventilatori) un tās kombinācija ar dabisko ventilāciju tika konstatēta 38,89% Q drudzā skarto ganāmpulku novietnēs, savukārt Q drudzā neskarto ganāmpulku novietnēs ventilācija bija tikai dabiskā.

Mākslīgās ventilācijas lietošana novietnē paaugstināja slimības sastopamību 29 reizes un bija vērtējama kā būtisks ($p=0,002$) riska faktors. Augstāka Q drudža prevalence, piemēram, Nīderlandē, minēta arī kazu novietnēs ar mākslīgo ventilāciju (Schimmer et al., 2011). Kopumā mākslīgā ventilācija vairāk tiek lietota lielās novietnēs (Mondaca, 2019).

Liellopu turēšanas veids: nepiesieta/ piesieta/ jaukta tipa tika konstatēts kā būtisks iespējamais riska faktors Q drudža sastopamībā. Nepiesietā turēšana tika konstatēta 60,61% Q drudža skartajos ganāmpulkos un 27,27% neskartajos. Nepiesietās turēšanas veids palielināja Q drudža sastopamības iespēju ganāmpulkā 3,33 reizes un vērtējams kā būtisks riska faktors ($p=0,01$). Piesietā turēšana tika konstatēta 63,64% neskarto un 27,27% skarto ganāmpulku. Piesietās turēšanas veids, salīdzinot ar nepiesieto, samazināja Q drudža sastopamību ganāmpulkā par 81% (95% ticamības intervāls (CI) (0,06-0,67)) un vērtējams kā būtisks faktors ($p=0,009$). Jaukta tipa turēšana bija sastopama 12,12% skarto un 9,09% neskarto ganāmpulku. Jaukta tipa turēšanas veids, salīdzinot ar nepiesieto, samazināja Q drudža sastopamību ganāmpulkā par 40% (95% CI (0,09-4,12)) un nebija statistiski nozīmīgs ($p>0,05$). Mūsu pētījuma rezultāti saskanēja ar Neare et al., 2023 pētījumu, kurā slaucamo govju nepiesietā vai jaukta tizpa (piesieta/ nepiesieta) turēšana bija būtisks pozitīvas seroprevalences rādītājs. Tomēr jāņem vērā, ka Eiropā, saistībā ar slaucamo govju ganāmpulku ekonomisku apsvērumu vadītu (Krpalkova et al., 2016) paplašināšanās tendenci (Jago & Berry, 2011) un rekomendācijām slaucamo govju labturībā (EFSA, 2009), piesietās turēšanas veids ir izzūdošs. Vērtējot savā kā lauksaimniecības dzīvnieku veterinārārstes praksē novērotās tendences, piesietās turēšanas mītņu skaits samazinās arī Latvijā. Apkopojot ganāmpulku paplašināšanas tendences Latvijā pēdējo 10 gadu laikā, pēc piena pārraudzības datiem (www.registri.ldc.gov.lv/lv/parraudziba) redzams, ka vidējais govju skaits ganāmpulkā palielinājies no 23,85 (124800 govīs 5233 ganāmpulkos 2012. gadā) uz 34,94 (115600 govīs 3309 ganāmpulkos 2022.gadā). Līdz ar to, apzinoties, ka piesietā turēšana kā Q drudzi ierobežojoša metode nebūs ilgtspējīga, jāpievērš uzmanība citu slimības ierobežošanas pasākumu izstrādei, kas būs efektīvi lielos ganāmpulkos un nepiesietās turēšanas mītnēs. Augstāka Q drudža sastopamība mītnē turētiem dzīvniekiem var būt skaidrojama ar apstākļiem, ka pie šāda turēšanas veida dzīvniekiem ir lielāka iespēja aerosolu veidā uzņemt ierosinātāju no kontaminētiem materiāliem (augļūdeņiem, placentas), kā arī tieša kontakta ceļā no cilvēkiem, inficētiem dzīvniekiem – kaķiem, grauzējiem, putniem (Capuano et al., 2001).

Atsevišķas slimis, tai skaitā abortējušo dzīvnieku zonas esamība 43,75% Q drudža skarto un 18,18% neskarto ganāmpulku parādīja, ka šāda zona novietnē palielina Q drudža sastopamību ganāmpulkā 3,5 reizes, taču ir vērtējama kā nebūtisks ($p>0,05$) riska faktors.

52,78% Q drudža skarto un 68,18% neskarto ganāmpulku tika mītņoti slēgta tipa novietnēs. **Slēgta tipa novietne** palielināja Q drudža sastopamības iespēju 1,92 reizes, savukārt mītņošana vaļēja tipa novietnēs Q drudža sastopamību samazināja par 48% (95% CI (0,17-1,58)), taču šie rādītāji nebija statistiski nozīmīgi ($p>0,05$).

Saimniecības **personāla apģērba maiņa vai virsapģērba lietošana** novietnē tika konstatēta kā būtisks ($p=0,04$) iespējamais Q drudža izplatību veicinošs riska faktors, palielinot Q drudža sastopamības iespēju 4,14 reizes.

Virsapģērba lietošana saimniecības apmeklētājiem palielināja Q drudža sastopamības iespēju 3,27 reizes, taču nebija statistiski nozīmīgs ($p>0,05$) faktors.

Tika konstatēts, ka **dezinfekcijas līdzekļu lietojums atnešanās zonā** saistāms ar 3 reizes lielāku Q drudža sastopamības iespēju ganāmpulkā, taču nav būtisks faktors ($p>0,05$). Tas skaidrojams ar apstākli, ka atsevišķa atnešanās zona pati par sevi jau bija būtisks riska faktors. Iepriekš minēts arī, ka dezinfekcijas līdzekļu lietojums atsevišķā atnešanās zonā mazināja Q drudža sastopamības varbūtību ganāmpulkā.

Saimniecībās, kurās **veic deratizāciju un ir optimāla rīcība ar augli un placentu aborta gadījumā**, tika konstatēta attiecīgi 2,57 un 1,81 reizi augstāka Q drudža sastopamības varbūtība, taču tas nebija statistiski nozīmīgi ($p>0,05$). Pretēji literatūrā paustiem viedokļiem par savvaļas dzīvnieku (tai skaitā grauzēju) plašo inficētību ar Q drudzi un to nozīmi slimības pārnēsē, mūsu pētījumā tika noskaidrots, ka, lai arī nebūtiski, bet biežāk deratizācija Q drudža neskartajos ganāmpulkos netika veikta, vai kā vienīgais deratizācijas elements tika uzskatīts saimniecībā klātesošs kaķis. Savukārt pretēju praksi – grauzēju indes lietošanu vai speciālu deratizācijas pakalpojumu ironiskā kārtā izvēlējās veikt tieši Q drudža skartās saimniecības. Deratizācija, bez šaubām, tiek uzskatīta par nozīmīgu higiēnas praksi, jo, piemēram, Nīderlandē vairākās saimniecībās konstatēta Q drudža pozitīvu žurku sastopamība (Reusken et al., 2011), un grauzēju izskaušana tikusi konstatēta kā būtisks faktors Q drudža sastopamības mazināšanā (Djellata et al., 2019).

Vidējais placentas aizvākšanas laiks pēc atnešanās Q drudža skartajos ganāmpulkos bija 15,56 stundas, neskartajos 8,0 stundas, kas tika konstatēta kā nebūtiska atšķirība ($p>0,05$). Savukārt, modelējot **placentas aizvākšanas laiku ar slaucamo govju skaitu ganāmpulkā**, tika konstatēta būtiska sakarība ($p<0,001$). Tas norādīja, ka pie esošā placentas aizvākšanas laika slaucamo govju skaitam palielinoties par vienu dzīvnieku, Q drudža sastopamības iespēja ganāmpulkā palielinās par 5% ($p=0,003$).

Pie esošā placentas aizvākšanas laika, slaucamo govju skaitam nemainoties, iespēja ganāmpulkam būt Q drudža pozitīvam kritās par 10% ($p=0,019$).

Pakaišu maiņas biežums atnešanās zonā kā iespējams riska faktors netika konstatēts ($p>0,05$). Tāpat arī **higiēnas pasākumu kopums, sniedzot dzemdību palīdzību** – roku un dzemdētājas ārējo dzimumorgānu mazgāšana, dzemdību vietas sagatavošana un gumijas cimdu lietošana Q drudža sastopamību ganāmpulkā būtiski neietekmēja ($p>0,05$). Lai arī mūsu pētījumā ganāmpulku aptaujas rezultāti neuzsvēra vairāku labas higiēnas prakses faktoru (higiēnas pasākumi, sniedzot dzemdību palīdzību, higiēna atnešanās zonā un citi) nozīmi, par atbalstāmu praksi Q drudža izplatības ierobežošanas nolūkā tika uzskatītas vairākas citu autoru rekomendācijas (Paul et al., 2012), kā, piemēram, aprikojuma, apavu, apģērba maiņa un /vai dezinfekcija. **Dalīta lauksaimniecības tehnikas lietošana** arīdžan kā būtisks Q drudža sastopamības faktors netika apstiprināts ($p>0,05$).

Ērcu piesūkšanās slaucamām govīm tika novērota 86,36% Q drudža neskartajos un 19,44% skarto ganāmpulku, kas vērtējama kā būtiska atšķirība ($p<0,001$). Ganāmpulkos, kur ērcu piesūkšanos dzīvniekiem nenovēroja, Q drudža sastopamības iespēja bija vairāk kā 26 reizes augstāka kā ganāmpulkos, kur ērcu piesūkšanos konstatēja, iespējams intensīvas un būtiski biežākas ganību izmantošanas dēļ. Tas pārliecinoši norādīja, ka ērces nebija uzskatāmas par Q drudža izplatību veicinošu riska faktoru. Ērcu piesūkšanās dzīvniekiem korelācija ar Q drudža sastopamību ganāmpulkos tikusi konstatēta, piemēram Nīderlandē (van Engelen et al., 2014) un Kīprā (Cantas et al., 2011). Abos pētījumos ērcu sastopamība govīm vai neskaidrs ērcu klātbūtnes statuss tika saistīts ar paaugstinātu Q drudža risku, nosakot *C. burnetii* klātbūtni ar PCR koppienā vai aborta materiālā, kamēr pati ērcu sastopamība korelēja ar ganību lietošanas praksi un sezonālām pārmaiņām. Inficētu ērcu klātbūtne ir tikusi atzīmēta kā iespējams Q drudža infekcijas avots (Capuano et al., 2001), un eksperimentāli pierādīts, ka cietās ērcu sugas, kā piemēram *Ixodes ricinus* transstadiāli var pārnest *C. burnetii* un būt kā vektors slimības izplatībā (Körner et al., 2020). Tomēr Duron et al., 2015 uzskata, ka, kaut arī ērcu kā *C. burnetii* vektora loma ir pierādīta eksperimentālās sistēmās, lauka apstākļos tā nav tik nozīmīga ierosinātāja pārvešanā uz dzīvniekiem, turklāt nereti *Coxiella*-līdzīgās baktērijas, ko plaši konstatē ērcēs, nereti kļūdaini tiek interpretētas kā *Coxiella burnetii*.

Liellopu nagu apstrāde (griešana) būtiski ($p<0,001$) biežāk tika veikta Q drudža skartajos ganāmpulkos (attiecīgi 91,43% skartajos un 45,45% neskartajos). Ganāmpulkos, kur nagu apstrāde tika veikta, iespēja tam būt Q drudža pozitīvam paaugstinājās 12,8 reizes, bet neveicot – samazinājās par 92%. Savukārt **nagu apstrāde kā ārpakalpojums** nebija būtisks ($p>0,05$) riska faktors slimības izplatībā, pretēji Paul et al (2012) konstatētajam, jo tika veikta gan Q drudža skartajos (84,38%), gan neskartajos (90,00%) ganāmpulkos. Neraugoties uz šajā pētījumā konstatēto faktu, ka nagu apstrāde kā

ārpakalpojums kā būtisks iespējamais riska faktors slimības izplatībā neiezīmējās, liellopu nagu apstrādes aprīkojumam jātiek rūpīgi dekontaminētam un dezinficētam pēc katra fermas apmeklējuma.

Lielāks **darbinieku skaits** saimniecībā tika konstatēts kā iespējams Q drudža izplatību veicinošs riska faktors. Q drudža skartajos ganāmpulkos vidējais darbinieku skaits bija $12,24 \pm 2,23$ cilvēki, neskartajos $3,46 \pm 0,46$, kas bija būtiski ($p=0,014$) mazāk. Darbinieku skaitam palielinoties par vienu, Q drudža sastopamības risks ganāmpulkā palielinājās par 28%. Vērtējot **darbinieku skaita** izmaiņas modelī ar **slaucamo govju skaitu** ganāmpulkā, tika konstatēts, ka pie esošā dzīvnieku skaita, darbinieku skaitam palielinoties par vienu, Q drudža sastopamības iespēja samazinājās par 6%.

Kā būtisks ($p=0,009$) iespējamais riska faktors Q drudža izplatībā tika konstatēta **ganību neizmantošana**. Tika noskaidrots, ka 95,45% slimības neskarto ganāmpulku izmanto ganības, savukārt no Q drudža skartajiem ganāmpulkiem ganības izmanto vien 55,56%. Ja ganības netika izmantotas, Q drudža sastopamības iespēja paaugstinājās 16,8 reizes, turpretī ganību izmantošana samazināja Q drudža sastopamības iespēju par 94%. Tas saskaņā ar pētījumu Itālijā (Capuano et al., 2001), kur pastāvīga govju turēšana ārā uzrādīja zemāku *C. burnetii* seroprevalenci, salīdzinot ar sezonālu ganību izmantošanu vai govju pastāvīgu turēšanu tikai mītnē. Mūsu pētījumā noskaidrotais savukārt ir pretrunā ar Igaunijā konstatēto (Neare et al., 2023), kur ganību izmantošana tika saistīta tieši ar augstāku *C. burnetii* seroprevalenci.

Kā būtisks ($p=0,031$) riska faktors tika konstatēta saimniecības atvērtība apmeklētājiem (semināri, ekskursijas, tūrisms u.c.). **Saimniecībām, kas pieņēma apmeklētājus**, bija 4 reizes augstāka iespēja būt Q drudža pozitīvām, savukārt nepieņemot apmeklētājus, šī iespēja samazinājās par 75%. Ir zināms, ka kopumā apmeklētāju aizliegums ir viena no ilgtermiņa Q drudža izplatības kontroles iespējām, ne vien lai no inficēšanās pasargātu cilvēkus, bet arī lai kopumā ierobežotu infekcijas slimību izplatību dzīvnieku vidū (Panel & Ahaw, 2010).

Apstākļi, ka **saimniecības darbinieki strādā arī citās saimniecībās** (tai skaitā personīgajās) pats par sevi nebija būtisks ($p>0,05$), taču **kombinācijā ar apģērba maiņu vai virsapģērba lietošanu saimniecības darbiniekiem** būtiski ($p=0,016$) paaugstināja Q drudža sastopamības iespēju līdz 8,16 reizēm.

Pastāvīgs veterinārārsts saimniecībā, bet sniedz pakalpojumus arī citās saimniecībās kā iespējamais riska faktors bija uz būtiskuma robežas ($p=0,05$).

Veterināro pakalpojumu raksturs, mākslīgā apsēklošana un liellopu nagu apstrāde kā ārpakalpojums netika konstatēti kā būtiski ($p>0,05$) iespējamie riska faktori Q drudža sastopamībā. **Suņu un kaķu, tāpat arī aitu un kazu klātbūtne** slaucamo govju ganāmpulkos un **kūtsmēslu izmantošana**

lauksaimniecības zemju uzlabošanai kā būtiski riska faktors arīdzan netika apstiprināti ($p>0,05$).

Ar reprodukciju saistītu veselības rādītāju izvērtējums Q drudža skartajos un neskartajos ganāmpulkos

Vērtējot govju atnešanās rādītājus pēdējā gada laikā, starp slimības skartajiem un neskartajiem ganāmpulkiem būtiskas atšķirības tika noskaidrotas vairākos rādītājos.

Q drudža skartajos ganāmpulkos dzīvniekiem būtiski ($p=0,006$) biežāk tika konstatēta **dvīņu grūsnība** (vidēji 4,69% no visām grūsnībām). Q drudža neskartajos ganāmpulkos dvīņu grūsnību gadījumi vidēji bija 1,68%, un, palielinoties dvīņu grūsnības sastopamībai par 1%, varbūtība, ka ganāmpulks būs Q drudža pozitīvs, pieauga par 53%. Zināms, ka augstāka dvīņu grūsnību sastopamība tikusi konstatēta arī seropozitīvām govīm pēc divkāršas vakcinācijas pret Q drudzi (Garcia-Ispierito et al., 2015). Lai arī dzīvnieku vakcinācija pret Q drudzi Latvijā netiek veikta, inficētajiem dzīvniekiem pret ierosinātāju dabiski veidojas imūnatbilde, kas, iespējams izskaidro šo fenomenu – biežāk sastopamas dvīņu grūsnības.

Būtiski ($p=0,011$) biežāk Q drudža skartajos ganāmpulkos dzīvniekiem sastapa **apgrūtinātas dzemdības** (vidēji 5,61% atnešanās gadījumu), kamēr neskartajos šis rādītājs bija 1,96%. Pie šāda rādītāja, apgrūtinātu dzemdību īpatsvaram palielinoties par 1%, varbūtība ganāmpulkam būt Q drudža pozitīvam palielinājās par 42%. Būtiski biežāk sastopamām apgrūtinātām dzemdībām literatūrā netika rasta tieša saistība ar Q drudzi. Taču, ņemot vērā gan literatūrā minēto, ka nedzīvs auglis un dvīņu dzemdības parasti noris apgrūtināti (Zaborski et al., 2009), gan arī praksē strādājot personīgi pieredzētos gadījumus, var pieņemt, ka biežāka apgrūtinātu dzemdību sastopamība Q drudža skartajos ganāmpulkos var būt saistāma ar nedzīvu pēcnācēju dzimšanu (intrauterīnu augļa nāvi) vai dvīņu grūsnību, kas, savukārt, ir Q drudža klātbūtnes ganāmpulkā sekas.

Nedzīvi dzimušu pēcnācēju sastopamība būtiski ($p=0,018$) biežāk tika konstatēta Q drudža skartajos ganāmpulkos, kur tā sastādīja 4,74% no visiem atnešanās gadījumiem, savukārt Q drudža neskartajos ganāmpulkos šis rādītājs bija 2,32%. Nedzīvi dzimušu pēcnācēju sastopamībai pieaugot par 1%, Q drudža varbūtība ganāmpulkā pieauga par 36%. Lai arī Q drudzis tieši kā abortu cēlonis vairāk ticis uzsvērts aitu un kazu ganāmpulkos (Selim et al., 2018; Waldhalm et al., 1978; Zeman et al., 1989), arī govju ganāmpulkos Q drudzis izraisa gan abortus, gan priekšlaicīgu atnešanos un nedzīvu vai vāju pēcnācēju dzimšanu

(APSW komplekss) (Agerholm, 2013), un Freick et al. (2017) atzīmē *C. burnetii* imūnatbildes vai klātbūtnes ietekmi uz nedzīvu pēcnācēju sastopamību, kas apstiprinājās arī mūsu pētījumā.

Abortu sastopamība būtiski (**p=0,04**) biežāk tika konstatēta Q drudža skartajos ganāmpulkos, sastādot vidēji 4,11% no visu grūsnību gadījumiem. Q drudža neskartajos ganāmpulkos šis rādītājs bija vairāk kā uz pusi mazāks, sastādot 2,00% no visiem grūsnību gadījumiem. Pieņemot, ja abortu daudzums palielinās par 1%, Q drudža sastopamības varbūtība palielinājās par 26%. Mūsu pētījumā 4% abortu sliiekšnis tika pārsniegts 41,67% skarto un 27,27% neskarto ganāmpulku. Ja liellopu ganāmpulkos ar dzīvnieku skaitu līdz 100 gadā sastop trīs abortus, bet ganāmpulkā, kur dzīvnieku skaits pārsniedz 100, gadā sastop abortus vismaz 4% dzīvnieku, pastāv aizdomas par iespējamu Q drudža klātbūtni tajā (Sidi-Boumedine et al., 2010). Augsta abortu sastopamība var tikt skaidrota arī ar apstākli, ka Latvijā abortu gadījumos konstatē vairākus ierosinātājus, tostarp *Listeria spp.*, piemēram, *Listeria monocytogenes* (Steingolde et al., 2014), *L. innocua*, *L. seeligeri* (Piginka-Vjaceslavova et al., 2020). Ir arī citi ziņojumi (Derdour et al., 2017), kas apliecina *C. burnetii* un citu ierosinātāju (*Neospora caninum*, *Listeria spp.*, *Brucella abortus*, *BVD*) vienlaicīgu klātbūtni abortu gadījumos. Par *C. burnetii* lomu abortu sastopamībā slaucamo govju ganāmpulkos ir vairāki pētījumi (Derdour et al., 2017; Djellata et al., 2019; Hässig & Lubsen, 1998; Parisi et al., 2006; Saegerman et al., 2022), kuros ar PCR metodi *C. burnetii* kā aborta ierosinātājs ticis konstatēts no 1,67% - 11,6% abortu gadījumos. Latvijā govju abortu gadījumos saistība ar *C. burnetii*, nosakot imūnatbildi abortējušu govju (un teļu) asins serumā, konstatēta no 13,4% (Boroduske et al., 2017) līdz 20,62% (Grantiņa-Ieviņa, Šteingolde, et al., 2021) izmeklēto dzīvnieku. Pēdējā apjomīgākajā pētījumā par Q drudža izplatību Latvijā tika izmeklēti 1557 abortējušu govju seruma paraugi (no 573 novietnēm 79 pagastos visā valsts teritorijā) un 744 aborta materiālu paraugi (no 308 novietnēm 68 pagastos visā valsts teritorijā). *C. burnetii* pozitīva imūnatbilde serumā tika konstatēta 321 (20,62%) abortējušam dzīvniekam (no 30 novietnēm 30 pagastos) un ar PCR metodi 28 (3,76%) aborta materiālos (no 5 novietnēm 4 pagastos) (Grantiņa-Ieviņa et al., 2021). Vērtējot *C. burnetii* imūnatbildes sastopamību abortu gadījumos triju gadu griezumā (2018 – 2020), tas bija relatīvi nemainīgs – no 13,45% - 22,42% abortējušo dzīvnieku (Grantiņa-Ieviņa et al., 2021).

Abortu cēloņu noskaidrošanu biežāk veica Q drudža skartajos ganāmpulkos (80,00% skarto, 61,90% neskarto ganāmpulku). Gan Q drudža skartajos, gan neskartajos ganāmpulkos biežāk konstatētais abortu ierosinātājs bija Šmalenbergas vīruss (attiecīgi 13 un 4 ganāmpulkos), kam Q drudža skartajos ganāmpulkos sekoja tieši Q drudzis (11 ganāmpulki), nezināms ierosinātājs (7 ganāmpulki), *Listeria spp.* (4 ganāmpulki), govju virusālā diareja

(*bovine viral diarrhoea* – BVD angl.) (3 ganāmpulki), *Leptospira* spp. (2 ganāmpulki). Q drudža neskartajos ganāmpulkos kā otrs biežākais abortu cēlonis tika norādīts nezināms ierosinātājs (3 ganāmpulki), *Listeria* spp. (1 ganāmpulks) un respiratori sincitiālais vīruss (1 ganāmpulks).

Vērtējot pēcdzemdību slimību sastopamības biežumu pēdējā gada laikā, starp slimības skartajiem un neskartajiem ganāmpulkiem būtiskas atšķirības tika noskaidrotas vairākos rādītājos.

Akūts pēcdzemdību metris būtiski ($p=0,0011$) biežāk tika konstatēts Q drudža skartajos ganāmpulkos, skarot vidēji 8,06% dzīvnieku, savukārt Q drudža neskartajos šis rādītājs bija 2,62%. Pieaugot pēcdzemdību metrisa sastopamībai par 1%, varbūtība, ka ganāmpulks būs Q drudža pozitīvs, palielinājās par 23%. Pēcdzemdību metrisa – stāvokļa ar palielinātu dzemdi, sarkanbrūniem ūdeņainiem izdalījumiem, sistēmiskām saslimšanas pazīmēm un drudzi 21 dienas laikā pēc atnešanās (Sheldon et al., 2006) saistība ar Q drudža infekciju pētījumos ir gan apstiprināta, augstāku metrisu incidenci konstatējot seropozitīviem dzīvniekiem (To et al., 1998), gan apšaubīta (Muskens et al., 2011), gan atzīta par aktuālu un nepieciešamu jomu, lai turpinātu pētījumus plašākā mērogā (Turcotte et al., 2021). Freick et al. (2017) apraksta *C. burnetii* imūnatbildes vai klātbūtnes ietekmi uz pēcdzemdību metrisa sastopamību pirmpienēm, kuras trīs nedēļas pirms atnešanās bija seronegatīvas. Arī mūsu pētījumā rezultāti parādīja būtiski augstāku pēcdzemdību metrisa sastopamību Q drudža skartajos ganāmpulkos.

Biežāk, taču nebūtiski ($p>0,05$) Q drudža skartajos ganāmpulkos tika konstatēti arī tādi rādītāji kā **pirms un pēcdzemdību gulēšana** (attiecīgi 5,09% un 3,14% atnešanās gadījumu), **kliniska endometrisa** sastopamība (attiecīgi 6,71% un 3,56% dzīvnieku), **placentas aizture** (attiecīgi 6,00% un 4,05% atnešanās gadījumu) un **hipokalcēmija** (attiecīgi 7,67% un 5,14% atnešanās gadījumos). Freick et al. (2017) ir aprakstījis *C. burnetii* ietekmi, lai arī nebūtisku, uz placentas aiztures sastopamību, kas saskan arī ar mūsu pētījuma rezultātiem.

Savukārt tādi rādītāji kā **pagarinātu dzimumciklu īpatsvars, mastīta** (klīniska un subklīniska) sastopamība un **subklīniska endometrisa** sastopamība nebūtiski ($p>0,05$) biežāk tika konstatēta Q drudža neskartajos ganāmpulkos (attiecīgi 12,31% un 8,50%; 12,27% un 11,86%; 5,71% un 4,58%). Augstāka mastītu sastopamība Q drudža neskartajos ganāmpulkos saskanēja ar pārraudzības rādītāju rezultātiem, kuros augstāks SŠS ganāmpulka līmenis tika konstatēts tieši Q drudža neskartajos ganāmpulkos. Tas atstāj vietu turpmākiem pētījumiem par *C. burnetii* kā mastīta ierosinātāja lomu. Ir pārliecinoši apstiprināta *C. burnetii* loma klīnisku un subklīnisku endometrisu un tam sekojošas sliktas auglības vai neauglības gadījumos govīm. Identificējot *C. burnetii* antigēnu kā vienīgo patogēnu neauglīgu govju endometrija

makrofāgos, De Biase et al., 2018 pirmie sagatavoja ziņojumu, kas apraksta *C. burnetii* klātbūtnes saistību ar endometrītu, dzemdes vaskulītu un fibrozi, kā rezultātā dzīvniekam samazinās auglība vai smagākos gadījumos dzīvnieks kļūst neauglīgs. Arī Freick et al. (2017) aprakstījis *C. burnetii* ietekmi uz endometrīta sastopamību 42 dienas pēc atnešanās pirmpienēm, kuras trīs nedēļas pirms atnešanās bija seronegatīvas. Mūsu pētījumā nebija izdiferencēta endometrītu sastopamība pirmpienēm un vairāku laktāciju govīm, taču kopīgais vērtējums parādīja *C. burnetii* pozitīva statusa saistību ar augstāku endometrītu incidenci.

Atsevišķa uzmanība tika pievērsta **piespiedu brāķēto dzīvnieku** skaitam un iemesliem. Tika noskaidrots, ka Q drudža skartajos ganāmpulkos pēdējā gada laikā brāķēti vidēji $6,27 \pm 2,22\%$ dzīvnieku, Q drudža neskartajos vidēji $9,39 \pm 2,21\%$ dzīvnieku, šī atšķirība nebija būtiska ($p > 0,05$). Apkopojot dzīvnieku piespiedu brāķēšanas iemeslus, tika konstatēts, ka **kāju problēmu** dēļ būtiski biežāk dzīvnieki tika brāķēti Q drudža skartajos ganāmpulkos – attiecīgi 19 (52,78%) Q drudža skartajos un 4 (18,18%) neskartajos ganāmpulkos (**$p = 0,00906$**).

Atšķirības pārējos brāķēšanas iemeslos starp Q drudža skartajiem un neskartajiem ganāmpulkiem nebija būtiskas ($p > 0,05$). **Reprodukcijas problēmu** dēļ dzīvniekus brāķēja 17 (47,22%) Q drudža skartajos un 11 (50,00%) neskartajos ganāmpulkos. **Tesmens problēmas** kā brāķēšanas iemesls tika atzīmēta 13 (36,11%) Q drudža skartajos un 12 (54,55%) neskartajos ganāmpulkos. **Zema produktivitāte** kā dzīvnieku brāķēšanas iemesls bija norādīta 4 (11,11%) Q drudža skartajos un 3 (13,64%) neskartajos ganāmpulkos. **Traumu** dēļ dzīvniekus brāķēja 7 (19,44%) Q drudža skartajos un 2 (9,09%) neskartajos ganāmpulkos. **Citus** brāķēšanas iemeslus atzīmēja 7 (19,44%) Q drudža skartie un 8 (36,36%) neskartie ganāmpulki.

Apkopojot nodaļā iepriekšminēto, kā būtiski iespējamie Q drudža izplatību veicinošie riska faktori tika konstatēti: liels slaucamo govju skaits ganāmpulkā (> 370), augsts liellopu teritoriālais blīvums (≥ 9 dzīvnieki/km²), atsevišķa atnešanās zona, mākslīgā ventilācija mītnē, nepiesietās turēšanas veids un personāla apģērba maiņa vai virsapģērba lietošana. Atsevišķas atnešanās zonas kā iespējamā riska faktora ietekmi pastiprināja apstākļi, ja mītnē bija arī slimo un abortējušo dzīvnieku zona, taču samazināja, ja tika lietoti dezinfekcijas līdzekļi. Rezultāti parādīja, ka būtisks ir placentas aizvākšanas laiks pēc atnešanās, jo, pie esošā laika dzīvnieku skaitam ganāmpulkā pieaugot, Q drudža sastopamības iespēja var būtiski palielināties. Tika noskaidrots arī, ka ērcu piesūkšanās slaucamām govīm nav saistāma ar paaugstinātu Q drudža sastopamību, gluži pretēji – ja dzīvnieki izmantoja ganības, kas arīdzan izskaidro ērcu piesūkšanos, Q drudža sastopamība mazinājās. Kā citi nozīmīgi iespējamie riska faktori slimības izplatībā tika konstatēti liellopu nagu apstrāde, saimniecības atvērība apmeklētājiem (semināri, ekskursijas) un darbinieku

skaitis saimniecībā (≥ 12), taču interesants atradums bija, ka pie liela dzīvnieku skaita ganāmpulkā darbinieku skaita palielinājums Q drudža sastopamības iespēju var samazināt, kas, iespējams, skaidrojams ar darbinieku funkciju un apkalpojamo dzīvnieku grupu nepārklāšanos. Apstākļi, ka darbinieki strādāja arī citās saimniecībās un lietoja maiņas vai virsapģērbu, arīdzan būtiski paaugstināja Q drudža sastopamības iespēju. Vērtējot dvīņu grūsnību, apgrūtinātu dzemdību, nedzīvi dzimušu pēcnācēju un abortu sastopamību pēdējā gada laikā, Q drudža skartajos ganāmpulkos tā bija būtiski augstāka, turklāt skartajos ganāmpulkos, izmeklējot abortu gadījumus, Q drudzis bija otra biežākā laboratoriski apstiprinātā diagnoze. Skartajos ganāmpulkos tika konstatēta arī būtiski augstāka akūta pēcdzemdību metritu incidence, taču ironiskā kārtā Q drudža skartajos ganāmpulkos dzīvnieki visbiežāk tika brāķēti kāju problēmu dēļ, otrajā un trešajā vietā ierindojot attiecīgi reprodukcijas un tesmens problēmas. Q drudža neskartajos ganāmpulkos biežākie brāķēšanas iemesli savukārt bija tesmens un reprodukcijas problēmas. Minētās veselības problēmas saskan ar citu autoru (Ansari-Lari et al., 2012; Bascom & Young, 1998; Hadley et al., 2006; Lee & Kim, 2006; Rilanto et al., 2020; Wondatir Workie et al., 2021) pausto viedokli par biežākajiem dzīvnieku brāķēšanas iemesliem.

Coxiella burnetii imūnatbilde serumā un klātbūtne pienā individuālo dzīvnieku paraugos

Ganāmpulka līmenī, apkopojot individuālo dzīvnieku seruma un piena paraugu sākotnējos un atkārtotos izmeklējumus, *C. burnetii* imūnatbilde serumā un/ vai klātbūtne pienā vismaz vienu reizi tika konstatēta 14 no kopā 15 šajā pētījuma aktivitātē iekļautajiem ganāmpulkiem (1.tabula).

Sākotnējā izmeklējumā *C. burnetii* imūnatbilde tika konstatēta dzīvniekiem 12 ganāmpulkos, atkārtoti 11 ganāmpulkos. *C. burnetii* klātbūtne pienā sākotnēji tika konstatēta govīm piecos, atkārtoti – astoņos ganāmpulkos.

Redzams, ka ganāmpulkos, kur sākotnēji konstatējām tikai *C. burnetii* imūnatbildi (ganāmpulki Nr. 5 un 7), atkārtota izmeklējumā laikā bija sastopama arī *C. burnetii* klātbūtne pienā, kas varētu būt skaidrojama ar ierosinātāja sporādisko izdalīšanās raksturu (Guatteo et al., 2007) vai mūsu gadījumā daļēji arī ar apstākļi, ka atkārtotā izmeklējumā *C. burnetii* klātbūtne pienā bija atrodama trim pirmcipiem, kuras sākotnējā izmeklējumā laikā bija seronegatīvas grūsnās teles, no kurām piena paraugi netika iegūti. Ganāmpulki, kuros sākotnēji nejausi izvēlētajiem dzīvniekiem netika konstatēta nedz *C. burnetii* imūnatbilde, nedz klātbūtne pienā (Nr. 13 un 14), atkārtotā izmeklējumā bija atrodama imūnatbilde (Nr. 13) vai gan imūnatbilde, gan *C. burnetii* klātbūtne pienā (Nr.

14), kas norādīja uz infekcijas izplatību ganāmpulkā. Savukārt ganāmpulki, kuros sākotnēji *C. burnetii* seropozitīvie dzīvnieki bija likvidēti (Nr. 8 un 15), atkārtotā izmeklējumā jauni seropozitīvi vai *C. burnetii* ar pienu izdaloši dzīvnieki netika atrasti, kas liecināja, ka slimo dzīvnieku brāķēšana, iespējams, varēja ierobežot jaunu dzīvnieku inficēšanos un slimības tālāku izplatību. Ganāmpulks, kurā sākotnēji no nejauši izvēlētajiem dzīvniekiem neviens netika konstatēts kā *C. burnetii* pozitīvs (Nr. 6), tādu statusu saglabāja arī pēc atkārtotā izmeklējuma.

1. tabula / Table 1

Coxiella burnetii imūnatbildes serumā un klātbūtnes pienā individuālo dzīvnieku paraugos sastopamība pētījumā iekļautajos ganāmpulkos /
Incidence of *Coxiella burnetii* serological response and shedding in milk in individual animal samples in the herds included in the study

Ganāmpulka Nr. / Number of herd	Sākotnējais izmeklējums / Initial testing		Atkārtots izmeklējums / Repeated testing	
	<i>C. burnetii</i> imūnatbilde serumā / <i>C. burnetii</i> serological response	<i>C. burnetii</i> klātbūtne pienā / <i>C. burnetii</i> shedding in milk	<i>C. burnetii</i> imūnatbilde serumā / <i>C. burnetii</i> serological response	<i>C. burnetii</i> klātbūtne pienā / <i>C. burnetii</i> shedding in milk
1	+	-	-	-
2	+	+	+	+
3	+	+	+	+
4	+	-	+	-
5	+	-	+	+
6	-	-	-	-
7	+	-	+	+
8	+	-	-	-
9	+	+	+	+
10	+	-	+	-
11	+	+	+	+
12	+	+	+	+
13	-	-	+	-
14	-	-	+	+
15	+	-	-	-

- nav konstatēts neviens *C. burnetii* imūnatbildes vai klātbūtnes pozitīvs paraugs ganāmpulkā / not any *C. burnetii* positive sample was detected

+ ir konstatēts vismaz viens *C. burnetii* imūnatbildes vai klātbūtnes pozitīvs paraugs ganāmpulkā / at least one *C. burnetii* positive sample was detected

Individuālu dzīvnieku līmenī sākotnējo un atkārtoto *C. burnetii* imūnatbildes un klātbūtnes pienā rezultātu apkopojums (2.tabula) ļāva saredzēt infekcijas izplatības tendences dzīvnieku vidū.

2.tabula / Table 2

***Coxiella burnetii* imūnatbilde un klātbūtne individuālo dzīvnieku paraugos sākotnējā un atkārtotā izmeklējumā /**

Serological response and shedding of Coxiella burnetii in individual animal samples initially and repeatedly

Dzīvnieka n.p.k. / Number of animal	Sākotnējais izmeklējums / Initial testing				Atkārtots izmeklējums / Repeated testing			
	PhI	PhII	IDVet	DNS	PhI	PhII	IDVet	DNS
1	X	0	-	0	0	0	-	0
2	0	0	-	0	X	0	-	X
3	0	0	-	0	X	X	-	0
4	0	0	-	0	0	0	-	X
5	0	0	-	0	0	0	-	X
6	X	0	-	X	EL			
7	0	0	-	0	X	0	-	0
8	X	0	-	X	X	X	-	0
9	0	0	-	X	X	0	-	X
10	X	0	-	0	X	0	-	0
11	X	0	-	0	X	0	-	0
12	0	0	-	0	X	0	-	X
13	X	0	-	0	EL			
14	X	0	-	0	X	0	-	0
15	X	0	-	0	0	0	-	0
16	X	0	-	0	EL			
17	0	0	X	0	0	0	X	C
18	0	0	X	0	EL			
19	0	0	X	0	0	0	X	0
20	0	0	0	0	0	0	X	C
21	0	0	X	0	EL			
22	0	0	0	T	0	0	X	X
23	X	0	X	T	EL			
24	0	0	X	0	0	0	X	C
25	0	0	0	0	0	0	X	0
26	0	0	X	X	0	0	X	0
27	0	0	X	0	0	0	X	0
28	0	0	X	0	0	0	X	X

2.tabulas turpinājums / Continuation of Table 2								
Dzīvnieka n.p.k. / Number of animal	Sākotnējais izmeklējums / Initial testing				Atkārtots izmeklējums / Repeated testing			
	PhI	PhII	IDVet	DNS	PhI	PhII	IDVet	DNS
29	0	0	X	0	0	0	X	0
30	0	0	0	T	0	0	X	0
31	0	0	X	0	0	0	X	0
32	0	0	X	0	X	X	X	C
33	0	0	X	0	0	0	0	C
34	0	0	X	0	0	0	X	C
35	0	0	0	T	0	0	X	0
36	X	0	X	0	X	0	X	0
37	0	0	0	X	0	0	0	0
38	0	0	0	T	0	0	X	C
39	X	X	X	0	0	0	X	0
40	0	0	0	T	0	0	X	X
41	X	X	X	0	0	0	X	C
42	X	0	X	0	0	0	X	0
43	X	0	X	X	X	0	X	X
44	0	0	0	0	0	0	0	X
45	0	0	0	T	X	0	X	0
46	0	0	0	0	0	0	X	0
47	0	0	0	T	X	X	X	X
48	0	X	0	0	EL			

PhI – *C. burnetii* I fāzes antigēna imūnatbilde / Serological response to *C. burnetii* phase I antigen

PhII – *C. burnetii* II fāzes antigēna imūnatbilde / Serological response to *C. burnetii* phase II antigen

IDVet – *C. burnetii* vispārīgā imūnatbilde / total serological response to *C. burnetii*

DNS – *C. burnetii* klātbūtne pienā / Shedding of *C. burnetii* in milk

- - rādītājs nav testēts / parameter not tested

0 – testētais rādītājs negatīvs / negative test result

X – testētais rādītājs pozitīvs / positive test result

C – govij cietstāves periods (piena paraugs nav ievākts) / dry period (milk sample not collected)

T – grūсна tele (piena paraugs nav ievākts) / pregnant heifer (milk sample not collected)

EL – *exitus letalis*

Individuālo izmeklējumu rezultātu apkopojumā konstatējam sekojošo: **sākotnējā** izmeklējumā *C. burnetii* I fāzes antigēna specifiskā **imūnatbilde** tika atrasta 15 (10,71% no 140 testētajiem) dzīvniekiem, II fāzes antigēna specifiskā imūnatbilde trim dzīvniekiem (2,14% no 140 testētajiem), bet kopīgā imūnatbilde – 19 (20,21% no 94 testētajiem) dzīvniekiem. Četriem dzīvniekiem

tika konstatēta gan I fāzes antigēna specifiskā, gan kopīgā imūnatbilde, diviem – abu antigēna fāžu specifiskā un kopīgā imūnatbilde. Kopā no 140 sākotnēji izmeklēto dzīvnieku asins seruma paraugiem vismaz viena veida *C. burnetii* imūnatbilde tika konstatēta 29 (20,71%) dzīvniekiem (no tiem vienai grūsnajai telei). **Atkārtotā** izmeklējumā *C. burnetii* I fāzes antigēna specifiskā **imūnatbilde** tika konstatēta 14 (12,17% no 115 testētajiem) govīm, II fāzes antigēna specifiskā – četrām (3,48% no 115 testētajām), bet kopīgā imūnatbilde – 25 (31,65% no 79 testētajām) govīm. Četrām govīm tika konstatēta abu antigēna fāžu specifiskā imūnatbilde, trim govīm I fāzes antigēna specifiskā un kopīgā imūnatbilde, bet divām govīm – gan abu fāžu specifiskās, gan kopīgā imūnatbilde. Kopā no 115 atkārtoti izmeklēto govju asins seruma paraugiem vismaz viena veida *C. burnetii* imūnatbilde tika konstatēta 34 (29,57%) govīm un šis pieaugums vērtējams kā statistiski nenozīmīgs. Mūsu pētījumā *C. burnetii* **II fāzes** antigēna specifiskā **imūnatbilde** sākotnēji tika konstatēta trim (2,14%), atkārtoti četrām (3,48%) govīm. Tas bija pretrunā ar Böttcher et al., 2011 pētījumam, kurā II fāzes antigēna imūnatbilde bija biežs atradums, un citu autoru pētījumiem, kuros tā variēja no 60,4% (To et al., 1998), izmeklējot govīs ar reprodukcijas traucējumiem un 23,8% (Lang, 1988) līdz 39,0% (Ruiz-Fons et al., 2008) nejauši izvēlētām govīm. Iespējamais izskaidrojums šim fenomenam varētu būt, ka mūsu pētījumam izvēlētie dzīvnieki bija inficējušies senāk, līdz ar to Q drudža akūtās fāzes tipiskās antivielas tiem vairs nebija nosakāmas.

Sākotnēji *C. burnetii* **klātbūtne** pienā tika konstatēta 6 (5,83% no 103 testētajām) govīm. Atkārtotā izmeklējumā *C. burnetii* klātbūtne pienā tika atrasta 11 (11,70% no 94 testētajām) govīm, un šis **pieaugums** vērtējams kā būtisks (**p<0,001**). Jāatzīmē, ka citu autoru pētījumos konstatēta augstāka *C. burnetii* klātbūtne pienā – no 32% dzīvnieku 12 ganāmpulkos (Angen et al., 2011) līdz 50% dzīvnieku piecos ganāmpulkos (Guatteo et al., 2007), taču mūsu rezultāti ir tuvāki To et al., (1998) aprakstītajiem 24,6% govīm ar reprodukcijas traucējumiem un Gyuranecz et al. (2012) aprakstītajiem 8,7% nejauši izvēlētām govīm. Mūsu pētījumā sākotnēji arī diviem dzīvniekiem tika konstatēta *C. burnetii* klātbūtne pienā bez imūnatbildes, un tas saskanēja ar Barberio et al., 2014 pētījumam, kurā no 36 govīm, kam konstatēja *C. burnetii* izdalīšanos pienā, antivielas asins serumā netika konstatētas 11 govīm. Izskaidrojums šim fenomenam ir – ja dzīvnieku nesen skārusi Q drudža infekcija, *C. burnetii* izdalīšanās pienā var nesaskanēt ar imūnatbildi asins serumā (Garcia-Ispierito et al., 2013).

Sākotnējā izmeklējumā **gan** *C. burnetii* **imūnatbilde**, **gan** **klātbūtne** pienā tika konstatēta 4 (3,88% no 103 testētajām) govīm. Atkārtotā izmeklējumā pozitīvi abi rādītāji tika konstatēti 8 (8,51% no 94 testētajām) govīm, taču šis pieaugums vērtējams kā statistiski nenozīmīgs (**p>0,05**).

Pētot kopīgās *C. burnetii* imūnatbildes sastopamību telēm, mūsu rezultāti saskanēja ar Freick et al., 2017 pētījumu, kurā konstatēts, ka teles, kas 9 mēnešu vecumā un trīs nedēļas pirms atnešanās bija seronegatīvas, uzrādīja būtiski lielāku seropozitīvo dzīvnieku skaita pieaugumu pirmajās 42 – 100 dienās pēc atnešanās, kas norādīja uz iespējamu inficēšanos tieši atnešanās laikā. Būtisku *C. burnetii* imūnatbildes un klātbūtnes pozitīvo dzīvnieku īpatsvara pieaugumu tieši pirmajā laktācijā sākotnēji seronegatīvām telēm apraksta arī Nogareda et al., 2012.

Vērtējot izmaiņas dzīvnieku statusā attiecībā uz *C. burnetii* laika periodā no sākotnējā līdz atkārtotam izmeklējumam (7 – 13 mēnešu intervālā), konstatējām, ka bija iespējama *C. burnetii* esošā statusa (pozitīva vai negatīva) saglabāšanās vai maiņa uz pretēju. Kā trešais iespējamais iznākums tika konstatēta dzīvnieka izslēgšana no ganāmpulka (nobeigšanās vai brāķēšana).

Tādējādi no sākotnēji 31 *C. burnetii* pozitīvā statusa dzīvnieka 20 (64,52%) dzīvniekiem esošais pozitīvais statuss saglabājās arī atkārtotā izmeklējumā, 4 (12,90%) mainījās statuss uz *C. burnetii* negatīvu, 7 (22,58%) bija nobeigušies vai likvidēti. No sākotnēji 109 *C. burnetii* negatīvā statusa dzīvniekiem 17 (15,60%) dzīvniekiem statuss bija mainījies uz *C. burnetii* pozitīvu, 74 (67,89%) saglabājās *C. burnetii* negatīvais statuss, 18 (16,51%) bija nobeigušies vai likvidēti. Līdz ar to lielākajai daļai dzīvnieku sākotnējais *C. burnetii* statuss laikā gaitā līdz atkārtotam izmeklējumam pēc 7 – 13,5 mēnešiem saglabājās nemainīgs (attiecīgi 64,52% pozitīvajiem un 67,89% negatīvajiem), taču atkārtotā izmeklējumā jauni inficēšanās gadījumi tika atklāti kopā 17 (15,60%) dzīvniekiem, kas liecināja par infekcijas aktīvu gaitu.

Turpinot jauno inficēšanās gadījumu izpēti, konstatējām, ka atkārtotā izmeklējumā **pozitīva *C. burnetii* statusa dzīvnieku skaits** bija būtiski (**p<0,05**) pieaudzis. Pieaugums bija no 31 sākotnēji pozitīvā dzīvnieka (22,14% no 140) līdz 37 pozitīviem dzīvniekiem atkārtotajā izmeklējumā (32,17% no 115). Tas vienlaikus nozīmēja būtisku (**p<0,05**) negatīva *C. burnetii* statusa dzīvnieku samazinājumu no 109 (77,86%) līdz 78 (67,83%) dzīvniekiem. Līdz atkārtotam izmeklējumam nobeigušies vai likvidēti bija 25 (17,86%) no sākotnēji izmeklētajiem 140 dzīvniekiem.

Pētot **jaunos inficēšanās** gadījumus pēc dzīvnieku kategorijām, konstatējām, ka no kopā 17 jaunajiem inficēšanās gadījumiem 10 (58,82%) bija slaucamās govīs, bet 7 (41,18%) – pirmpienes, kuras sākotnējā izmeklējuma laikā bija seronegatīvas **grūsnās teles**, un šajā grupā jauno inficēšanās gadījumu pieaugums vērtējams kā būtisks (**p<0,05**).

Vērtējot *C. burnetii* imūnatbildes un klātbūtnes sastopamību dzīvnieku grupās ar un bez reprodukcijas problēmām anamnēzē (vairākkārtēja mākslīgā apsūklošana, pagarināti dzimumcikli, aborti, nedzīvi pēcnācēji), konstatējām, ka sākotnējā izmeklējumā grupā “Dzīvnieki ar reprodukcijas

problēmām anamnēzē” *C. burnetii* I fāzes antigēna imūnatbilde bija sastopama 12 (18,18% no visiem 66 problēmgrupā testētajiem) dzīvniekiem, II fāzes antigēna imūnatbilde 2 (3,03% no visiem 66 problēmgrupā testētajiem) dzīvniekiem, kopīgā imūnatbilde 15 (35,71% no 42 problēmgrupā ar IDVet testētajiem) dzīvniekiem, bet klātbūtne pienā 4 (8,00% no 50 testētajām) govīm.

Kontroles dzīvniekiem bez reprodukcijas problēmām anamnēzē sākotnējā izmeklējumā I fāzes antigēna imūnatbilde bija sastopama 3 (4,05% no visiem 74 kontrolgrupā testētajiem) dzīvniekiem, kas bija būtiski ($p < 0,05$) mazāk kā problēmgrupā. *C. burnetii* II fāzes antigēna imūnatbilde tika konstatēta vienam (1,35% no visiem 74 kontrolgrupā testētajiem) dzīvniekam, atšķirība no problēmgrupas nebija statistiski nozīmīga ($p > 0,05$). Kopīgā imūnatbilde tika konstatēta 4 (7,69% no 52 kontrolgrupā ar IDVet testētajiem) dzīvniekiem, kas bija būtiski ($p < 0,001$) mazāk kā problēmgrupā. *C. burnetii* klātbūtne pienā kontrolgrupā tika konstatēta 2 (3,77% no 53 testētajām) govīm, atšķirība no problēmgrupas nebija statistiski nozīmīga. Arī citu autoru pētījumi (Cabassi et al., 2006, Vidic et al., 1990, Sting et al., 2002) atklājuši augstāku abortu risku tieši seropozitīviem dzīvniekiem. *C. burnetii* izdalīšanās ar pienu vairāk konstatēta ganāmpulkos, kuri ziņo par reprodukcijas traucējumiem, un starp *C. burnetii* pozitīviem paraugiem un dzīvnieku neauglību konstatēta būtiska saistība (Anastácio et al., 2016). Arī mūsu pētījuma rezultāti apliecināja *C. burnetii* pozitīva statusa un reprodukcijas problēmu saikni.

Apkopojot nodaļā iepriekšminēto, ganāmpulka līmenī bija redzams, ka *C. burnetii* izplatību skartajos ganāmpulkos turpināja un pat palielināja, gan atklājot jaunus inficēšanās gadījumus, gan izdaloties ar pienu dzīvniekiem, kam sākotnēji tika konstatēta tikai imūnatbilde. Individuālu dzīvnieku līmenī *C. burnetii* pozitīvajiem dzīvniekiem konstatējām: esošās imūnatbildes un klātbūtnes pienā saglabāšanos, vairāku veidu imūnatbildes sastopamību atkārtotā izmeklējumā sākotnēji seronegatīvajiem dzīvniekiem un imūnatbildes veida pārmaiņu uz citu/ pretēju. Konstatējām, ka 64,52% *C. burnetii* sākotnēji pozitīvo un 67,89%, negatīvo dzīvnieku sākotnējais statuss saglabājās, taču 15,60% sākotnēji *C. burnetii* negatīvo dzīvnieku statuss bija mainījies uz pozitīvu, kas liecināja par jauniem inficēšanās gadījumiem, turklāt 41,18% no tiem bija sākotnēji grūsnās teles. Vērtējot *C. burnetii* imūnatbildes un klātbūtnes saistību ar reprodukcijas problēmām dzīvnieku anamnēzē, atklājām, ka *C. burnetii* I fāzes antigēna un kopīgā imūnatbilde būtiski biežāk bija atrodama dzīvniekiem ar reprodukcijas problēmām anamnēzē, salīdzinot ar kontrolgrupu.

Turpmākais reproduktīvais sniegums un produktivitāte govīm pēc aborta ar *Coxiella burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni

Vidējais **laktāciju skaits**, kurā dzīvniekiem tika konstatēti aborti, *C. burnetii* pozitīvo dzīvnieku grupā bija lielāks ($p=0,048$), uzrādot $1,88\pm 0,13$ laktācijas, negatīvo dzīvnieku grupā attiecīgi $1,52\pm 0,12$ laktācijas. Datu par laktāciju skaitu, kurā notiek aborts, detalizētāka izpēte rādīja, ka *C. burnetii* pozitīvo dzīvnieku grupā 29 (19,60%) aborti tika konstatēti telēm, 42 (28,38%) pirmcipienēm, 33 (22,30%) otrās laktācijas govīm un 44 (29,73%) trīs un vairāk laktāciju govīm. *C. burnetii* negatīvo dzīvnieku grupā 38 (25,50%) aborti tika konstatēti telēm, 49 (32,89%) pirmcipienēm, 29 (19,46%) otrās laktācijas govīm un 33 (22,15%) trīs un vairāk laktāciju govīm. *C. burnetii* pozitīvajiem dzīvniekiem aborti visbiežāk tika konstatēti trešajā un vairāk laktācijās, kamēr *C. burnetii* negatīvajiem dzīvniekiem aborti visbiežāk tika konstatēti pirmajā laktācijā, taču citādi statistiski nozīmīgas atšķirības starp grupām, vērtējot pēc laktāciju skaita, netika konstatētas ($p>0,05$). Mūsu pētījuma rezultāti saskanēja ar Paul et al. (2012) konstatēto augstāku *C. burnetii* sastopamību vecākiem dzīvniekiem, jo laktāciju skaits ir netiešs dzīvnieku vecuma rādītājs.

Vidējais **grūsnības ilgums mēnešos** aborta brīdī *C. burnetii* pozitīvo dzīvnieku grupā bija $6,26\pm 0,20$ mēneši, bet negatīvo dzīvnieku grupā $6,42\pm 0,20$ mēneši, starpība bija nebūtiska ($p>0,05$). Datu par grūsnības mēnesi, kurā notiek aborts, detalizētāka izpēte rādīja, ka *C. burnetii* pozitīvo dzīvnieku grupā sastapa 29 (19,60%) pirmā trimestra (1-3 grūsnības mēnešos) abortus, 33 (22,28%) otrā trimestra (4-6 grūsnības mēneši) abortus un 86 (58,11%) trešā trimestra (7-9 grūsnības mēneši) abortus. *C. burnetii* negatīvo dzīvnieku grupā savukārt sastapa 26 (17,45%) pirmā trimestra, 38 (25,50%) otrā trimestra un 85 (57,05%) trešā trimestra abortus, starpības starp *C. burnetii* pozitīvo un negatīvo dzīvnieku grupām katrā no trimestriem nebija statistiski nozīmīgas ($p>0,05$). Augstā abortu sastopamība gan pozitīvo, gan negatīvo dzīvnieku grupās grūsnības pēdējā trimestrī (7 – 9 mēneši) var būt skaidrojama ar apstākli, ka abortu cēloņu noskaidrošanai nereti tiek iesūtīti tieši vēlīnu abortu augļi, jo agrīnus abortus (līdz pat 4 mēnešus ilgai grūsnībai) saimniecībās neredz un par tiem neziņo (Mee, 2023).

Pētījumā, apkopojot **iznākumus** dzīvniekiem pēc aborta, tie tika konstatēti trīs: uzreiz pēc aborta veikta dzīvnieka brāķēšana, turpināta esošā laktācija vai uzsākta jauna laktācija. Uzreiz pēc aborta brāķēti tika 66 (44,60%) *C. burnetii* pozitīvo dzīvnieku, esošā laktācija turpinājusies 48 (32,43%), jauna laktācija sākusies 34 (22,97%) dzīvniekiem. *C. burnetii* negatīvo dzīvnieku grupā uzreiz pēc aborta brāķēti 63 (42,28%), esošā laktācija turpinājusies 39 (26,17%), bet jauna laktācija sākusies 47 (31,54%) dzīvniekiem. Atšķirības starp *C. burnetii*

pozitīvo un negatīvo dzīvnieku grupām katrā no iznākumiem nebija statistiski nozīmīgas ($p > 0,05$). Brāķēšana drīz pēc aborta saskan ar Ansari-Lari et al. 2012 pētījumu, kurā 28% dzīvnieku tika brāķēti pirmajās 100 dienās pēc atnešanās, taču vidējais dienu skaits no atnešanās līdz brāķēšanai bija 240. Mūsu pētījumā novērojām līdzīgu tendenci – apsēklotie dzīvnieki, kam neiestājās jauna grūsnība, tika no ganāmpulka izslēgti sekojošo 240 dienu laikā pēc aborta. Zināms, ka katrs aborta gadījums rada ekonomiskus zaudējumus dēļ: neiegūta pēcnācēja, pagarināta starpatnešanās intervāla un agrākas produktīvo dzīvnieku izslēgšanas no ganāmpulka. Aprēķināts, ka slaucamās govys aborts nes aptuveni 1415 ASV dolāru lielu zaudējumu (Cantón et al., 2022).

Turpinot datu izpēti par dzīvniekiem, kam turpinājās esošā laktācija vai tika sākta jauna, konstatējām, ka abos gadījumos sekoja divas iespējas – pēc aborta iestājās **jauna grūsnība**, kam sekoja atnešanās, vai jauna grūsnība neiestājās, un dzīvnieks tika brāķēts kā negrūsnis.

Ja dzīvniekam pēc aborta turpinājās esošā laktācija, bija vērojama tendence, ka *C. burnetii* pozitīvajiem dzīvniekiem, salīdzinot ar *C. burnetii* negatīvajiem jauna grūsnība iestājās mazāk (attiecīgi 36 (75,00%) pozitīviem un 30 (76,92%) negatīviem dzīvniekiem), kas novērota reizē ar augstāku negrūsnu dzīvnieku brāķēšanu (attiecīgi 12 (25,00%) pozitīvo un 9 (23,08%) negatīvo dzīvnieku). Tāda pati tendence bija vērojama, ja pēc aborta sākās jauna laktācija – *C. burnetii* pozitīvajiem dzīvniekiem pēc aborta jauna grūsnība iestājās mazāk kā *C. burnetii* negatīvajiem (attiecīgi 20 (58,82%) govys un 32 (68,09%) govys). Kā negrūsnī jaunā laktācijā brāķēti tika attiecīgi 14 (41,18%) pozitīvie un 15 (31,91%) negatīvie dzīvnieki, taču atšķirības starp grupām nebija statistiski nozīmīgas ($p > 0,05$). Apkopojot iepriekšminēto, izriet, ka no sākotnēji 148 *C. burnetii* pozitīvajiem dzīvniekiem grūsnībā pēc aborta tika iegūti 56 jauni pēcnācēji (no tiem 51 dzīvs), no *C. burnetii* negatīvajiem dzīvniekiem 62 jauni pēcnācēji (no tiem 53 dzīvi), taču šī starpība tika konstatēta kā statistiski nenožīmīga ($p > 0,05$).

Salīdzinot *C. burnetii* pozitīvo un negatīvo dzīvnieku reprodukcijas rādītājus, kam pēc aborta **turpinājās esošā vai sākās jauna laktācija**, statistiski nozīmīgas atšķirības tajos netika konstatētas.

Mūsu pētījumā dzīvniekiem pēc aborta sekojošajā grūsnībā tika vērtēti intervāli starp atkārtotām MA. Ja tie pārsniedza parasta dzimumcikla garumu (virs 23 dienām vai virs 48 dienām) (Crowe, 2016), tie tika definēti kā **pagarināti dzimumcikli**, ko novērojām 16,67% - 20,00% *C. burnetii* pozitīvo un 6,67% - 21,88% negatīvo dzīvnieku, būtiskas atšķirības starp grupām netika konstatētas. Pagarināti dzimumcikli telēm un govīm liecina par embriju bojāeju jeb agrinām (līdz 15 – 17 grūsnības dienai) vai vēlinām (aptuveni 42 grūsnības dienā) embriju nāvēm, abas slaucamo govju ganāmpulkos ir sastopamas visbiežāk. Ja grūsnība pārtraucas vēlāk (pēc 50. grūsnības dienas), to definē kā augļa nāvi, ko sastop retāk (Santos et al., 2004). Tiesa, augstāzīgos slaucamo govju ganāmpulkos

būtiski daudz embriju un augļu nāves sastop arī 42 – 56 grūsnības dienās. Tam ir rasti vairāki izskaidrojumi: nepietiekamas kvalitātes oocīti, kas rezultējas ar vāji attīstītiem embrijiem, nespējīgiem izveidot savstarpējo saikni ar endometrija epiteliocītiem, neatbilstoša dzemdes iekšējā vide un infekcijas slimību ierosinātāju klātbūtne, kā rezultātā no nepietiekamas embriju vai augļu apgādes ar barības vielām iestājas to nāve (Santos et al., 2004). Vēlīnas embriju nāves prevalence ziņota no 7,2% ganībās turētām slaucamām govīm un 6,1% telēm 28 – 84 grūsnības dienās (Silke et al., 2002) līdz 20,2% intensīvas ražošanas slaucamo govju ganāmpulkos (Vasconcelos et al., 1997). Citu autoru pētījumi atklāj grūsnības pārtraukšanos 38 – 90 dienās 10,2% govju (López-Gatius, 2003), 32 – 86 dienās 7,79% govju un teļu (no tām agrīnas embriju nāves 44,77%, vēlīnas 55,23% dzīvnieku) (Zobel et al., 2011), 60 – 70 dienās 19,3% govju (Gábor et al., 2016). Embriju un augļu bojāejas cēloņi nav tikuši saistīti vien ar govju ģenētisko potenciālu (Diskin & Morris, 2008), tāpat nav konstatēta iepriekšējās sinhronizācijas saistība ar grūsnības zaudēšanu (López-Gatius et al., 2002). Zināms, ka govju ķermeņa kondīcijas izmaiņas var ietekmēt grūsnības iznākumu, sevišķi 28 – 56 grūsnības dienās (Silke et al., 2002). Noslēdzot, ka 2,4 reizes augstāks grūsnības pārtraukšanās risks ir govīm, kuras agrīnā laktācijas fāzē zaudē vismaz vienu ķermeņa kondīcijas balli, salīdzinot ar govīm, kuru ķermeņa kondīcija paliek nemainīga (López-Gatius et al., 2002). Līdz ar to negatīva enerģijas bilance agrīnā laktācijā samazina auglību (Kim & Jeong, 2019) un var palielināt grūsnības pārtraukšanās risku. Zināms arī, ka būtiska korelācija pastāv starp embriju mirstību un govju laktāciju skaitu – pieaugot laktāciju skaitam, pieaug vēlīnu embriju nāvju prevalence (Balendran et al., 2008; Nyman et al., 2018). Kā embriju nāves iemesli tiek minēti arī ar dzīvnieka vecumu saistītas endokrīnas izmaiņas (Bajaj & Sharma, 2011; Lee & Kim, 2006), dvīņu grūsnība (López-Gatius et al., 2012), neatbilstoša dzemdes iekšējā vide un tāda pēcdzemdību perioda saslimšana kā subklīnisks endometrīts (Santos et al., 2004). Kā minēts iepriekš, *C. burnetii* ticis apstiprināts kā endometrīta cēlonis (De Biase et al., 2018), taču papildus tam, skaidrojot embriju bojāeju saistībā tieši ar Q drudža infekciju ganāmpulkā, pēdējo gadu pētījumos, salīdzinot govju ar pozitīvu *C. burnetii* antigēna fāzes specifisko imūnātbildi, embriju nāve (29 – 35 un 60 – 70 grūsnības dienās) konstatēta 18% seropozitīvo govju (Dobos et al., 2020). Ļoti augsta seropozitivitātes prevalence konstatēta 80,5% govīm un 94,4% pirmpienēm, kam notikusi agrīna grūsnības pārtraukšanās. Augstāka *C. burnetii* I fāzes antigēna seropozitivitātes prevalence (50,0%) konstatēta govīm ar grūsnības pārtraukšanos, nekā govīm ar saglabātu grūsnību (38,5%) (Dobos et al., 2020), kas norāda uz *C. burnetii* nelabvēlīgo ietekmi grūsnības saglabāšanā.

Ja vēlīnu abortu, pēc kura sākās jauna laktācija vērtējām kā atnešanos, tad tādos rādītājos kā: **laiks līdz pirmajai MA, servisa periods, grūsnības**

iestāšanās pēc pirmās MA, grūsnības iestāšanās līdz 150 dienām starp *C. burnetii* pozitīvo un negatīvo dzīvnieku grupām būtiskas atšķirības netika konstatētas ($p>0,05$), kas saskan ar Freick et al., 2017 pētījumu, kurā būtiskas atšķirības, nosakot dzīvniekiem imūnatbildi serumā (ELISA), *C. burnetii* klātbūtni vaginālajos izdalījumos un pienā (PCR), šajos rādītājos netika konstatētas. Arī Turcotte et al., 2023 pilotpētījumā, kur, pielietojot ovulācijas sinhronizācijas protokolu un veicot pirmo MA ap 70 dienām pēc atnešanās, sliktākus apaugļošanās rādītājus pēc pirmās MA govīm ar pozitīvu *C. burnetii* imūnatbildi nekonstatēja, taču uzsvēra nepieciešamību pētījumus turpināt plašākā mērogā. Grūsnības iestāšanos pēc pirmās MA ietekmē tādi faktori kā sezona, brīvprātīgās nogaidīšanas perioda ilgums (Souames & Berrama, 2020), paaugstināta ķermeņa temperatūra (Demetrio et al., 2007) un paaugstināta apkārtējās vides temperatūra (Gabor et al., 2016). Tiek minēts, ka pie 50 – 100 dienu brīvprātīgās nogaidīšanas perioda grūsnības iestāšanās iespēja pēc pirmās MA būtiski palielinās (Souames & Berrama, 2020). Grūsnības iestāšanās pēc pirmās MA parasti tiek minēta zem 50% slaucamo govju (Endo, 2022), vai pat zemāka, piemēram, 34% (Yusuf et al., 2011). Mūsu pētījumā, ja ar abortu sākas jauna laktācija, tas bija 50,00% - vienāds gan *C. burnetii* pozitīvo, gan negatīvo dzīvnieku grupā. Jāpiebilst, ka dzīvniekiem, kam pēc aborta turpinājās esošā laktācija, šis rādītājs bija pat augstāks: 60,00% pozitīvo un 69,44% negatīvo dzīvnieku grupā (atšķirība statistiski nenozīmīga ($p>0,05$)). Ņemot vērā aborta faktu, mūsu pētījumā šis augstais rādītājs nebija viennozīmīgi vērtējams kā optimāls vai apmierinošs, lai gan parādīja, ka arī pēc aborta dzīvnieku apsēklošana ir sekmīga.

Pamatojoties uz atradni, ka reprodukcijas rādītājos būtiskas atšķirības starp *C. burnetii* pozitīvo un negatīvo dzīvnieku grupām netika konstatētas, pētījuma turpinājumā salīdzinājām katra abortējušā dzīvnieka individuālos reprodukcijas un produktivitātes rādītājus pret šī dzīvnieka ganāmpulka attiecīgā gada kopīgajiem pārraudzības rādītājiem.

Salīdzinot abortējušo dzīvnieku **servisa perioda** garumu pret ganāmpulku vidējo attiecīgā gada rādītāju, tika konstatēts, ka govīm, kam pēc aborta turpinājās esošā laktācija, tas bija par $143,30 \pm 11,70$ dienām garāks kā ganāmpulku vidējais servisa periods, šī atšķirība bija būtiska ($p<0,05$). **Mākslīgās apsēklošanas reižu skaits** uz grūsnību abortējušiem dzīvniekiem neatšķīrās no ganāmpulku vidējiem rādītājiem. Salīdzinot ar Siatka et al. (2017) minēto, šāds MA reižu skaits atzīstams kā akceptējams.

Abortējušo dzīvnieku **izslaukums, tauku un olbaltumvielu** saturs standartlaktācijā bija ganāmpulka vidējā līmenī. **Somatisko šūnu skaits** pienā standartlaktācijā bija par $0,83 \pm 0,17 \log(2)$ vienībām zemāks ($p<0,05$) kā vidēji līdzīga vecuma (laktācijas) govīm tai pašā ganāmpulkā.

Abortējušiem dzīvniekiem, kam pēc aborta sākās jauna laktācija, **servisa perioda** garumā un **mākslīgās apsēklošanas reižu skaitā** uz grūsnību no ganāmpulka vidējām vērtībām atšķirības netika konstatētas. Vērtējot izslaukumu jaunā laktācijā, visām abortējušām govīm, neatkarīgi no *C. burnetii* statusa, var prognozēt vidēji par 1523,20±292,80 kg zemāku **izslaukumu**, vidēji par 54,90±12,00 kg zemāku **tauku** saturu un vidēji par 43,30±9,40 kg zemāku **olbaltumvielu** saturu standartlaktācijā. Jaunā laktācijā **somatisko šūnu skaits** bija par 1,30±0,17 log (2) vienībām jeb 2,4 reizes zemāks (**p<0,05**) kā vidēji līdzīga vecuma (laktācijas) govīm tai pašā ganāmpulkā. Vērtējot izslaukumu detalizētāk, tika konstatēts, ka abortējušo teļu (n=35) izslaukuma rādītāji ievērojami atpalika (-1730,65±412,87kg) no sava ganāmpulka vidējā pirmieņu izslaukuma. Arī otrās, trešās un vairāku laktāciju govīm tika novērots izslaukuma samazinājums par ~1300 vai ~1400kg, salīdzinot ar konkrētā ganāmpulka pārējo govju vidējo izslaukumu. Datu apkopojumā konstatējām, ka jauna laktācija var būt arī saīsināta (vidēji 292,74±3,53 dienas), tomēr tas neizskaidroja visas standartlaktācijas izslaukuma būtisko samazinājumu par ~1500 kg. Aborti telēm tika novēroti vidēji 2,12±0,27 mēnešus pirms ganāmpulku vidējā pirmās atnešanās vecuma. Kā jau tika minēts, daļa abortējušo teļu tika brāķētas, bet tām, kam pēc aborta sākās jauna laktācija (n=35), šis rādītājs bija līdzīgs 2,31±0,28 mēneši. Zināms, ka teles, kam pirmā atnešanās notiek jau 22 – 23 mēnešu vecumā (pēc pilna grūsnības laika), uzrāda vislabākos izslaukuma un dzīvildzes rādītājus pirmo piecu gadu laikā (Wathes et al., 2008), taču mūsu pētījumā telēm laktācija aborta dēļ tika sākta agrāk, līdz ar to uzrādot zemāku produktivitāti jau pirmajā standartlaktācijā. Taču laktācijas sākšanās ar abortu negatīvā ietekme uz turpmāko produktivitāti tika konstatēta ne vien pirmieņiem, bet arī pārējām abortējušām govīm, uzrādot zemākus izslaukumus standartlaktācijā kā ganāmpulkā vidēji, kas arīdzan norāda uz dzīvnieka nesagatavotību jaunas laktācijas sākšanai. Galvenokārt cietstāves periods tiek ievērots ap 60 dienām, kaut gan ticis noskaidrots, ka saīsinātam cietstāves periodam (40 dienas), ja tas speciāli mēģināts, ir pozitīva ietekme uz dzīvnieku turpmāko izmantošanu un izslaukums netiek ietekmēts (Shoshani et al., 2014; Kok et al., 2019). Savukārt, ja cietstāves periods saīsinās uz priekšlaicīgas atnešanās (tai skaitā abortu, dvīņu grūsnību gadījumos), turpmākais izslaukums prognozējams zemāks (Rastani & Grummer, 2006). Agrāka laktācijas sākšana šādos gadījumos saistās arī ar medikamentu atliekvielu klātbūtnes risku pienā, ja dzīvniekam pirms cietstāves perioda intramammāri lietoti antibakteriāli medikamenti.

Apkopojot nodaļā iepriekšminēto, bija redzama tendence, ka ar *C. burnetii* imūnatbildi vai klātbūtni saistītus abortus novēro vecākām (vairāk laktāciju) govīm, sākot ar divām un vairāk laktācijām, taču vismaz 19,60% gadījumu tos sastop arī telēm. Attiecībā uz grūsnības ilgumu, kad abortus novēroja, tika konstatēts, ka vairāk kā puse izmeklēto aborta gadījumu bija grūsnības pēdējā

trimestrī, taču starp *C. burnetii* pozitīvo un negatīvo dzīvnieku grupām būtiskas atšķirības nenovēroja. Vērtējot abortu ietekmi uz dzīvnieka turpmāko izmantošanu, konstatējām, ka 44,60% *C. burnetii* pozitīvo abortējušo dzīvnieku tika brāķēti uzreiz pēc aborta, 32,43% turpinājās esošā laktācija, bet 22,97% dzīvnieku (tai skaitā grūsnajām telēm) ar abortu sākās jauna laktācija. Pēc aborta turpinoties esošai vai sākoties jaunai laktācijai ne visiem dzīvniekiem grūsnība iestājās, tādēļ tie tika brāķēti kā negrūsnī. Līdz ar to no 148 šajā pētījuma aktivitātē iekļautajiem *C. burnetii* pozitīvajiem dzīvniekiem jauna grūsnība pēc aborta iestājās un noslēdzās ar atnešanos 56 govīm (51 dzīvs pēcnācējs), bet 149 *C. burnetii* negatīvo dzīvnieku grupā jauna grūsnība pēc aborta iestājās un noslēdzās ar atnešanos 62 govīm (53 dzīvi pēcnācēji). Vērtētajos reprodukcijas rādītājos pēc aborta starp *C. burnetii* pozitīvajiem un negatīvajiem dzīvniekiem būtiskas atšķirības netika konstatētas, taču, salīdzinot visu 297 abortējušo dzīvnieku turpmākās reprodukcijas un produktivitātes rādītājus pret ganāmpulku vidējiem attiecīgā gada rādītājiem, abortējušajiem dzīvniekiem, kam turpinājās esošā laktācija, konstatējām garāku servisa periodu, govīm, kam ar abortu tika sākta jauna laktācija – zemāku izslaukumu, zemāku piena tauku un olbaltumvielu saturu un zemāku somatisko šūnu skaitu standartlaktācijā.

SECINĀJUMI

1. Pēc ganāmpulku pārraudzības rādītājiem konstatējām, ka Q drudzis visā valsts teritorijā sastopams lielos ganāmpulkos ar slaucamo govju skaitu virs 187, kamēr neskartajos šis rādītājs ir vidēji 37 govīs. Arī izslaukuma, tauku, olbaltumvielu un laktozes saturs būtiski augstāks tika konstatēts Q drudža skartajos ganāmpulkos, kas norāda uz šīs slimības sastopamību augstākajās ganāmpulkos ar vidējo izslaukumu virs 7900 kg/gadā. Q drudža neskartie ganāmpulki savukārt raksturojās ar būtiski labākiem apaugļošanās rādītājiem – zemāku mākslīgās apsēklošanas skaitu uz grūsnību ($1,76 \pm 0,06$ neskartajos un $2,10 \pm 0,05$ reizes skartajos ganāmpulkos).
2. Kā iespējamie Q drudža izplatību veicinošie riska faktori bez liela dzīvnieku skaita un augsta liellopu teritoriālā blīvuma tika konstatēti tādi saimniekošanas faktori kā: nepiesietās turēšanas veids, atsevišķa atnešanās zona, mākslīgā ventilācija mītnē, liellopu nagu apstrāde un saimniecības atvērtība apmeklētājiem. Savukārt ganību izmantošana un ar to saistāma ērcu piesūkšanās slaucamām govīm Q drudža sastopamības risku nepaaugstināja.
3. Ar reprodukciju saistītu veselības traucējumu (gan atnešanās rādītāju, gan pēcdzemdību slimību ziņā) augstāku sastopamību vairākos noteiktajos rādītājos konstatējām Q drudža skartajos ganāmpulkos, tādējādi gūstot ieskatu, ka Q drudzis var pasliktināt reprodukciju ganāmpulka līmenī.

4. Konstatējām, ka, ja netiek veikti slimības izplatību ierobežojoši pasākumi (piemēram, slimo dzīvnieku brāķēšana), Q drudzis ganāmpulkā turpināja izplatīties. Pēc 7-13 mēnešiem no sākotnējā izmeklējuma tika atklāti 10 (8,70%) jauni inficēšanās gadījumi, turklāt 7 no tiem – sākotnēji seronegatīvām grūsnajām telēm.
5. *Coxiella burnetii* I fāzes antigēna specifiskā un kopīgā imūnatbilde būtiski biežāk bija sastopama dzīvniekiem ar reprodukcijas problēmām anamnēzē, norādot uz iespējamu Q drudža saistību ar iepriekšēju vairākkārtēju apsēklošanu, pagarinātiem dzimumcikliem, abortiem un nedzīvi dzimušiem pēcnācējiem. Tiesa, rezultātu interpretāciju un secinājumu izdarīšanu apgrūtināja apstākļi, ka 25 (17,86%) dzīvnieku līdz atkārtotam izmeklējumam bija nobeigušies vai izslēgti no ganāmpulka. Taču, vērtējot to no cita aspekta – ganāmpulkos, kur šī dzīvnieku brāķēšana bija notikusi, bija zemāka jauno inficēšanās gadījumu sastopamība, norādot, ka slimo dzīvnieku brāķēšana var būt efektīvs slimības izplatības ierobežošanas pasākums.
6. Vērtējot abortējušo dzīvnieku turpmāko reprodiktīvo sniegumu un produktivitāti pēc aborta, būtiskas atšķirības starp *C. burnetii* pozitīvu un negatīvu abortējušo dzīvnieku grupām nekonstatējām. Taču, vērtējot abortējušo dzīvnieku turpmāko potenciālu ganāmpulkā kopumā, konstatējām abortu saimniecisko neizdevīgumu vairākos aspektos: augsta dzīvnieku brāķēšana gan uzreiz pēc aborta, gan pēc nesekmīgas makslīgās apsēklošanas un būtiski zemāka produktivitāte visās dzīvnieku grupās, kam ar abortu tika uzsākta jauna laktācija.

PRAKTISKĀS REKOMENDĀCIJAS

1. Saimniecībās ar nepiesieto turēšanas veidu, kur atnešanās notiek atsevišķā atnešanās zonā, novērst dzemdētājām savstarpēju kontaktu, izveidojot individuālus atnešanās boksus.
2. Grūsnām telēm nodrošināt atsevišķu atnešanās zonu no vecākām govīm.
3. Ņemot vērā praksi, ka par visiem abortiem slaucamo govju ganāmpulkos netiek ziņots un paraugi abortu gadījumos ne vienmēr tiek iesūtīti uz laboratoriju cēloņu noskaidrošanai, iesakām papildināt Q drudža izmeklējumus abortu gadījumos ar regulāru monitoringu (piemēram, apvienotā piena paraugos).
4. Aicināt slaucamo govju ganāmpulku īpašniekus apzināt Q drudža statusu savā ganāmpulkā, lai, novērojot reprodukcijas problēmas, izstrādātu rīcības plānu slimības ierobežošanai.

RELEVANCE OF THE STUDY

Q fever is a zoonotic disease caused by *Coxiella burnetii* and is widely distributed worldwide. In cows, natural infection with Q fever is usually not associated with significant clinical signs; however, Q fever is known to cause abortion, infertility, metritis, and mastitis in ruminants, and ruminants are the main source of disease in humans. Reproduction problems often occur in herds of high-yielding cows, and the causes of these problems cannot always be detected.

Since 2015, when the Scientific Institute of Food Safety, Animal Health, and Environment "BIOR" began detecting the presence of the Q fever causative agent, *Coxiella burnetii*, molecularly in aborted fetuses and identifying the immune response in combined milk samples and serum of aborted animals, it was found that 10.70% and 13.20% of a total of 252 examined herds had the presence and immune response to *C. burnetii*. In the serum of animals in cases of abortions from 1,010 investigated herds, immune response to *C. burnetii* was found in 13.40% of animals (Boroduske et al., 2017). However, there was a lack of research related to these results, which would allow us to identify the herds most susceptible to Q fever, understand the trends of the spread of the disease, identify the segment of animals exposed to the risk of the disease, and, above all, determine the effect of the disease on the animals' reproductive capacity.

The results of our research have enabled us to characterize the herds affected by Q fever, uncover the peculiarities of farming practices, and identify the risk factors that may contribute to the spread of Q fever. These questions, in our opinion, are extremely relevant from the viewpoint of practical dairy farming. Being able to assess the role of Q fever in the occurrence of reproductive problems according to several criteria (productivity, farming practices) allows us to make scientifically-based decisions for the future use or culling of the animals.

At the beginning of the research, the following **defensible theses** were highlighted:

1. dairy herds affected by Q fever can be characterized by certain indicators of productivity and reproduction.
2. identifying the risk factors contributing to the spread of Q fever can allow the development of practical recommendations to limit the disease.
3. without taking restrictive measures, Q fever tends to continue spreading in the herd.
4. a history of reproductive disorders in individual animals may be associated with a phase-specific or general serological immune response and/or presence of *C. burnetii* antigen in milk.

5. in animals after abortion with *C. burnetii*, immune response or the presence of subsequent reproductive performance and productivity is significantly impaired.

Hypothesis: Q fever can significantly impair reproductive parameters in dairy herds; identifying indicators characteristic of the occurrence of the disease and contributing risk factors could allow us to limit it.

Aim: to find out the incidence of Q fever in dairy cow herds and its effect on reproductive parameters.

Objectives:

1. to find out the productivity and reproductive parameters of herds specific to the occurrence of Q fever, comparing the monitoring data of herds affected and unaffected by Q fever.
2. to find out the risk factors contributing to the spread of Q fever and the frequency of occurrence of health indicators related to reproduction by performing a survey in both disease-affected and unaffected herds.
3. to find out the spread of the disease by *C. burnetii* serological immune response and presence in individual samples, changes, and dynamics over time, and relation to reproductive anamnesis of animals.
4. to evaluate the subsequent reproductive performance and productivity of aborted animals after abortion with *C. burnetii* serological immune response or presence.

Scientific Novelty:

1. conducting a study of dairy herds' monitoring indicators to identify significant differences in productivity and reproduction indicators at the herd level in herds affected and unaffected by Q fever.
2. carrying out a study of herd management practices in Q fever-affected and unaffected herds to determine the possible risk factors contributing to the spread of the disease and their combinations. Additionally, the significance of their impact on the incidence of the disease in the herd was examined. A study of the frequency of occurrence of health indicators related to reproduction was conducted to clarify differences in the reproductive health of animals in Q fever-affected and unaffected herds.
3. detecting, for the first time in dairy herds in Latvia, the *Coxiella burnetii* antigen phase-specific serological immune response. DNA of the causative agent was detected in milk samples. The occurrence of these indicators was evaluated in connection with the reproductive anamnesis of the animals. The

dynamics of infection spread in dairy herds were assessed by collecting samples twice, at intervals of several months.

4. assessing the impact of the disease on the potential further use of animals by comparing the subsequent reproductive performance and productivity of aborted animals after abortion with *C. burnetii* serological immune response or presence.

Personal contribution:

1. selection, arrangement, and statistical processing of productivity and reproduction parameters of Q fever-affected and unaffected herds selected for the study.
2. development of a herd survey questionnaire for ascertaining the risk factors of the spread of the disease. This questionnaire covered a spectrum of questions in the following sections: creation/replenishing/restoration of the herd, housing, hygiene, and other factors. Additionally, to find out the frequency of occurrence of health indicators related to reproduction, a range of questions were included in the following sections: calving of cows, diseases of the postpartum period, and culling of animals during the last year. Statistical processing of data was also conducted. A personal survey was conducted for a portion of the herds included in the study.
3. collection of blood and milk samples of individual animals, delivering them to laboratories, and partly participating in laboratory testing of samples. Selection, arrangement, and statistical processing of reproduction data of individual animals.

MATERIALS AND METHODS

Typical Herd Monitoring Indicators for Q Fever Incidence in Dairy Herds

Selection of dairy herds for comparison of monitoring indicators

From the total number of approximately 11,800 cattle farms registered in Latvia in 2020 (source: www.ldc.gov.lv, accessed on 03.03.2021), a total of 200 (1.70%) were initially randomly selected for the study, comprising 100 Q fever-affected and 100 non-affected farms. The registration numbers of the sites were verified in the Latvian Agricultural Data Center (LDC), a state company supervised by the Ministry of Agriculture of the Republic of Latvia. Established in 1997, the LDC collects, processes, and analyzes information of a zootechnical, veterinary, and agricultural nature in Latvia to maintain a unified registry of

animals and herds and a breeding information system adhering to international standards (source: <https://www.ldc.gov.lv/lv/vesture>, accessed on 03.03.2021).

After verifying the registration numbers of the cattle farms, 118 qualified for further research (comprising 60 Q fever-affected and 58 unaffected farms), all of which were dairy herds participating in the milk monitoring program. Other farms did not qualify for several reasons: discontinuation or change in their economic activity, non-inclusion in the milk monitoring program, or being categorized as slaughterhouses.

Thus, the monitoring data from 2019 of 118 dairy herds (3.13% of a total of 3,775 dairy herds under milk monitoring) were utilized in the study. These data were obtained from subsection 03 "Breeding and Recording" subsection 3 "Recording" of the LDC Registers and Statistics Department (source: <https://registri.ldc.gov.lv/lv/parraudziba>, accessed on 03.03.2021). The herds included in the study represented 78 parishes in 23 counties across all four regions of Latvia: Kurzeme, Vidzeme, Latgale, and Zemgale.

The herd status (Q fever affected/unaffected) was determined based on information from the "BIOR" database, which included examination results of milk (bulk tank milk, pooled milk sample), serum of aborted animals, and aborted products. Herds affected by Q fever were identified as those in which the animals' serum exhibited an immune response to *C. burnetii* (ELISA) or the presence of *C. burnetii* (PCR). Herds deemed unaffected by Q fever were those in which all examinations of milk, serum, or abortion products tested negative for *C. burnetii*. The "BIOR" database referenced began in 2012 (Boroduske et al., 2017), and our study utilized information about herds in which these examinations were conducted up until September 2019.

Herd monitoring parameters compared

In order to determine the occurrence of Q fever in dairy cow herds, differences between Q fever-affected and unaffected herds across Latvia were assessed. The following parameters were compared: number of animals in different groups (heifers, primiparous cows, multiparous cows, all); milk yield, fat, protein, and lactose content of milk in kilograms; somatic cell count (*1000) in standard lactation; number of days in milk; age of first insemination and first calving of heifers in months; open days and dry period in days; and insemination rate per pregnancy.

Data processing of herd monitoring parameters

Descriptive statistics, including the mean value and standard error of parameters, were calculated using **Jamovi**. The **Mann-Whitney U test** in the **Jamovi** program was employed for mutual comparison of herd monitoring parameters. For each parameter, the following were calculated: p-value, U value,

and the significance of the effect, or r value (with <0.3 indicating small significance, 0.3-0.5 indicating moderately large significance, and >0.5 indicating high significance).

Potential Risk Factors Contributing to the Spread of Q Fever and Their Impact on Animal Reproductive Health

Herd selection to identify potential risk factors contributing to the spread of Q fever and health parameters related to reproduction

Through a survey, fifty-eight dairy herds (comprising 36 Q fever-affected and 22 unaffected) were selected to investigate the risk factors for the spread of Q fever and health parameters related to reproduction. The survey targeted all 118 herds included in the study, with responses received from 58 respondents, accounting for 49.15% of the total number of herds included. Respondent herds represented 32 parishes in 17 counties across four Latvian regions: Kurzeme, Vidzeme, Latgale, and Zemgale.

Possible risk factors contributing to the spread of Q fever

The following farming practices and factors were evaluated to identify possible risk factors and their interactions in both Q fever-affected and unaffected herds:

- the average number of cows in the herd, territorial density of cattle, purchase of animals from other farms (including imports), vaccination and quarantine for imported animals, age of the farm,
- housing type, free/tie-stall barn, calving area, area for sick and aborted animals, ventilation in the barn,
- frequency of litter removal, usage of disinfectants in the calving area, hygiene process during assistance in case of dystocia, placenta removal time after calving, action in case of abortion, deratization process, the use of agricultural equipment, clothing shift or outerwear use in the farm staff and/or visitors,
- the use of manure for the improvement of the agricultural land, the use of pasture, the presence of dogs, cats, sheep, and goats in the herd, the presence of ticks on the cows, type of services such as artificial insemination, veterinary medicine and hoof trimming, farm openness to visitors, number of employees and character of employment.

Impact of Q fever on animal reproductive health

To assess the impact of Q fever on the reproduction of dairy cows, the following health parameters were summarized in both Q fever-affected and unaffected herds:

- the proportion of dystocia, twin pregnancies, stillborn births, abortions, and causes of abortions,
- the incidence of retained placenta, acute postpartum metritis, clinical and subclinical endometritis, pre- and postpartum laying cow syndrome, mastitis, the proportion of prolonged estrus cycles, and their frequencies,
- the culling rate and reasons for culling during the last year were summarized.

Performing a herd survey

In the herd survey questionnaire, responses to a total of 45 questions were collected across seven thematic sections (herd creation/replenishment/renewal, housing, hygiene, other factors, calving of cows during the last year, postpartum diseases during the last year, culling of animals during the last year). Each section contained 2-12 questions, with 1-6 answer options or open questions.

The survey of dairy herd owners, farm managers, or veterinarians was conducted between 2019 and 2022. Survey questionnaires were completed manually in paper format through phone or in-person interviews with the owner, manager, or veterinarian. Additionally, electronic submissions were collected via the Google Forms website (<https://docs.google.com/forms>).

Answers regarding herd creation/replenishment/renewal, housing, hygiene, and other factors were gathered from internal farm documentation, routine activity protocols, and/or personal observations of the respondents. In some cases, data on visually observable parameters (related to housing, hygiene, and other factors) were collected during face-to-face visits to the farms. Information on the number of dairy cows and territorial density of cattle was obtained from the LDC database.

Responses to questions about calving, postpartum diseases, and culling of animals during the last year were obtained by collecting data from internal farm records in either paper format or electronic databases.

Data processing of questionnaires

The results of the herd survey questionnaires were analyzed using the **Binomial Logistic regression** method in **Jamovi**. Initially, the p-value and odds ratio at the 95% confidence interval for each feature were determined. Subsequently, modeling was conducted to identify the mutual interaction between two logically related variables. For statistically significant models, Akaike's Information Coefficient (AIC), χ^2 , Z and p-values, odds ratio at 95% confidence interval, and any associated changes were calculated.

Serological Immune Response to *Coxiella burnetii* and Presence in Milk in Individual Samples

Selection of herds for collection of individual animal samples

Coxiella burnetii serological immune response and presence in milk in individual animal samples were examined to determine **Q fever status** in animals with and without reproductive disorders in their anamnesis, as well as to understand **the pattern of Q fever spread** within the herd.

Individual animal samples were collected from 15 Q fever-affected herds, representing 12.71% of the total 118 dairy herds included in the study. Samples were collected twice from each herd at intervals of 7-13 months. These herds were located in 15 parishes across 7 counties, encompassing all four regions of Latvia: Kurzeme, Vidzeme, Latgale, and Zemgale.

Methodology for collection of individual samples

Milk and blood samples were collected from 6-10 randomly selected animals in each herd. These animals were chosen to represent different ages and lactation stages. Initially, the reproductive history of the randomly selected animals was obtained from the LDC database. Based on this information, the animals were divided into two groups: "Animals with reproductive problems in their anamnesis" and "Control animals without reproductive problems in their anamnesis" to determine **the Q fever status** of the animals. The sampling scheme used was developed by the European Food Safety Authority's (EFSA) passive monitoring scheme for cattle (Sidi-Boumedine et al., 2010).

In the group "Animals with reproductive problems in their anamnesis", two to four animals were initially selected from each herd. These animals had undergone artificial insemination multiple times and had experienced prolonged estrus cycles (over 23 or 48 days) as indicated in their medical history, along with records of abortions or stillbirths, or combinations of these issues. This group was comprised of both pregnant heifers (n=16) and lactating cows (n=50) ranging from the first to the sixth lactation, totaling 66 animals.

In the group "Control animals without reproductive problems in anamnesis", six to eight animals without the aforementioned reproductive issues (multiple artificial inseminations, prolonged estrus cycles, abortions, and stillbirths) were initially selected from each herd. This group also comprised pregnant heifers (n=16) and lactating cows (n=58) ranging from the first to the seventh lactation, totaling 74 animals.

A total of 140 blood and 103 milk samples were initially collected. During the initial sample collection, only blood samples were obtained from pregnant heifers, while both blood and milk samples were collected from dairy cows. The

initial sample collection occurred alternately in different herds between 2017 and 2019.

To understand the nature of **the spread of Q fever within the herd**, individual samples were collected repeatedly after intervals of 7-13 months. During this period, all pregnant heifers had calved, transitioning into primiparous cows. Additionally, within this timeframe, 25 animals either died or were slaughtered due to various reasons, including dystocia with subsequent hind leg paresis, lameness, low productivity, abomasal ulcer, and others, without one dominant reason.

As all pregnant heifers had calved during the resampling period, blood and milk samples were collected from all animals except those in the dry period. A total of 115 cows were repeatedly sampled, of which 62 continued in the existing lactation, 32 had started a new lactation, and 21 were in the dry period. Therefore, 115 blood and 94 milk samples were collected repeatedly. The resampling occurred alternately in different herds from 2018 to 2020.

The results of the initial examinations were reported to the animal owners. In some herds, this information may have served as a motivating factor for culling Q fever-positive animals to mitigate the spread of the disease within the herd.

Examination of individual animals and collection of samples

Before collecting milk and blood samples, all animals underwent a general clinical examination. It was observed that all animals selected for the study were clinically healthy, enabling sampling to proceed according to the original plan.

During the initial sample collection, dairy cows were at various stages of lactation (ranging from 4-90 days after calving), while pregnant heifers were in their 8th-9th month of pregnancy. Upon re-sampling, all pregnant heifers had calved, transitioning into dairy cows. Following the previous calving, artificial insemination had been conducted, resulting in new pregnancies. Consequently, all cows were at different phases of the postpartum period (ranging from 3 - 250 days after calving) or new pregnancy (ranging from 42 - 268 days). It's important to note that reproductive tract findings were consistent with the respective phase but were not directly comparable across different stages.

Ethical norms, principles, and guidelines for good veterinary practice were strictly adhered to **during the veterinary procedures conducted on the study animals. Blood samples** were collected from animals in a careful and precise manner, ensuring the use of well-fixed animals and employing precise, single-needle insertion techniques. **Milk samples** were collected depending on the husbandry practice, either in the milking parlor or in free-stall barns or tie-stall barns. Prior to sample collection, adequate preparation of the udder and teats for milking was ensured. Routine milking was then performed after sample

collection to ensure that there had been no disruption to the milking reflex of the animal.

It's important to note that no special permits were required for performing these veterinary procedures according to the Animal Protection Act (Latvijas Vēstnesis, 1999), which was in force at the time of the study.

Blood samples were collected in 3 mL volumes from the tail vein using sterile vacutainers containing a coagulation activator. Prior to sample collection, the skin of the tail at the puncture site was cleaned with a 70% ethanol wet tissue. A 21G vacutainer needle was used for blood collection. Following sample collection, a brief compression of the puncture site lasting approximately 10 seconds was applied using a sterile gauze swab to ensure cessation of bleeding. **Milk samples** from all four quarters of the udder were collected in sterile 20 mL plastic containers. Before sample collection, the teat tips were cleaned initially with a dry cloth, then with a cloth moistened with 70% ethanol, and the first jets of milk were wiped off. Subsequently, routine milking procedures (application of milking tubes) were immediately resumed after sample collection.

Following collection, both the milk and blood samples were promptly cooled to +4°C and transported to the Microbiology and Pathology Laboratory of the Scientific Institute of Food Safety, Animal Health and Environment "BIOR". The examinations were conducted within 48 hours of sample collection.

Testing of individual animal samples

The *C. burnetii* **antigen phase-specific immune response** in the serum was assessed via the ELISA method using "VetLine Coxiella Phase 1 ELISA" and "VetLine Coxiella Phase 2 ELISA" kits from NovaTec, Germany. Both tests exhibited a sensitivity of 96.20% and a specificity of 94.47%. The preparation, examination, reading of results, calculation, and interpretation of serum samples were all conducted following the instructions provided with the respective tests.

In a portion of the study, **the total immune response of *C. burnetii* (phase I and II antigens) in the serum** was additionally assessed using the ID Screen Q Fever Indirect Multi-species ELISA test (ID Vet, France). This test demonstrated a sensitivity of 100% and a specificity of 100%.

Preparation, examination, reading of results, calculation, and interpretation of serum samples were conducted following the instructions provided with the ID Screen Q Fever Indirect Multi-species ELISA test.

For **milk samples**, the presence of *C. burnetii* was determined molecularly through real-time polymerase chain reaction (PCR). The preparation of collected milk samples, extraction and purification of *C. burnetii* DNA, amplification, and interpretation of results were carried out according to the instructions for use provided with the "ADIAVET™ COX REALTIME Test for the detection of

Coxiella burnetii by real-time enzymatic DNA amplification (PCR test)" from Bio-X Diagnostics, France.

Data processing of individual sample results

Firstly, to compare the causes leading to animal culling, the dynamics of *C. burnetii* serological immune response, and its presence in both Q fever-affected and unaffected herds, a **Z-test** was employed. This facilitated the comparison of proportions between two sample sets, utilizing **Social Science Statistics 2020**.

Subsequent Reproductive Performance and Productivity in Animals after Abortion with a *Coxiella burnetii* Serological Immune Response or Presence

Herd and Animal Selection for Assessing Subsequent Reproductive Performance and Productivity Following Abortion with *Coxiella burnetii* Serological Immune Response or Presence

For the evaluation of further reproductive performance and productivity, a total of 297 animals were selected from five of the dairy herds included in the previous activities (A, B, C, D, and E). These herds experienced an abortion between 2016 and 2019 and were tested for *C. burnetii* serological immune response or presence as part of the Animal Infectious Disease national monitoring plan.

During the aforementioned period, the average number of milking cows in herds A, B, C, D, and E was 658, 154, 387, 534, and 728, respectively. The milk yield during the monitoring period averaged 11,427 kg, 8,710 kg, 9,572 kg, 8,097 kg, and 10,431 kg, respectively.

From these five herds, 361 serum samples of aborted animals (201, 30, 33, 30, and 67 from herds A, B, C, D, and E, respectively) and 104 samples of abortion products (fetus, fetal internal organs, placenta) (55, 23, 11, 14, and 1, respectively) were tested. Out of the 361 tested serum samples, 139 (38.50%) were positive for *C. burnetii*, while 36 (34.62%) of the 104 tested abortion product samples were positive for *C. burnetii*.

All PCR-positive (n=36) and PCR-negative (n=67), as well as randomly selected ELISA-positive (n=112) and ELISA-negative (n=82) animals were chosen for this study. In total, 148 *C. burnetii*-positive animals (serological immune response or presence) were included in the research, comprising 29 pregnant heifers and 119 dairy cows from the first to seventh lactation. Additionally, 149 *C. burnetii*-negative animals (immune response or presence)

were selected, including 38 pregnant heifers and 111 dairy cows from the first to eighth lactation.

Reproductive and productivity parameters collected

For the aborted animals, data about **the time when the abortion took place** (lactation and length of pregnancy in months at the time of abortion), **the subsequent outcome** (culling, milking), **reproductive performance** (artificial insemination rate per pregnancy, pregnancy from the first artificial insemination, occurrence of prolonged estrus cycles, open days, time until the first artificial insemination in a new lactation, the onset of pregnancy up to 150 days after calving), and the status of the next offspring after an aborted pregnancy, and **productivity** (milk yield, fat, protein, lactose, and somatic cell count in a standard lactation) **after an abortion** were collected.

Evaluation of Further Reproductive Performance and Productivity in Animals after Abortion with *C. burnetii* Serological Immune Response or Presence

Data from 297 animals selected for this research activity about **abortion, outcome after abortion, subsequent reproductive performance, and productivity** were collected in the authorized section of the LDC database from individual animal cards. Individual **reproduction** (open days, artificial insemination rate per pregnancy) and **productivity** (milk yield, fat, protein, lactose, and somatic cell count in standard lactation) of each animal were compared between *C. burnetii* positive and negative animals and with the herd average of each animal. The average parameters of the herd of the relevant year were collected in subsection 03, "Breeding and Recording" of the LDC Registers and Statistics Department, subsection 3, "Recording" (<https://registri ldc.gov.lv/iv/parraudziba>). Somatic cell count (*1000 cells/ mL) was converted to logarithmic units (log(2)) according to Shook (1993) and Shook (1993).

Reproductive parameters not collected at the herd level in surveillance data (pregnancy from first artificial insemination, incidence of prolonged *estrus* cycles, time to first artificial insemination in a new lactation, pregnancy up to 150 days after calving and status of subsequent offspring after aborted pregnancies) were only compared between *C. burnetii* positive and negative animals.

Post-abortion data processing of post-abortion reproductive performance and productivity

The parameters' descriptive statistics (the mean value and standard error) were calculated in **Jamovi**. The **Mann-Whitney U test** was used in **Jamovi** to

compare the average number of lactations, the duration of pregnancy in months at the time of abortion, and reproductive parameters. For each indicator, p-value, U value, and the significance of the effect, or r value (<0.3 small, 0.3-0.5 moderate, >0.5 high significance) were calculated.

A Z-test to compare the proportions of two samples at Social Science Statistics 2020 was used to compare the outcome after abortion, the number of lactations, and length of pregnancy in months at the time of abortion between groups of *C. burnetii* positive/negative animals.

Data about each aborted animal (both *C. burnetii* positive and negative) were compared with the average reproductive and productivity parameters of the herd in the given year with **one sample group t-tests** in the Stata program (StataCorp LP, 4905 Lakeway Drive, College Station TX 77845, USA, version Stata BE 18.0 for Windows), and taking into account the number of lactations of the cow. After the abortion, the positive status of *C. burnetii*, the beginning of a new lactation, and the effect of individual differences of herds simultaneously on all productivity indicators (milk yield, milk fat, protein, and somatic cell count in standard lactation) were evaluated by **multivariate analysis of variance (MANOVA)**.

RESULTS AND DISCUSSION

Herd Monitoring Parameters

For all 118 dairy cow herds included in the study, comparisons were made based on the 2019 monitoring data for various parameters including the number of animals (heifers, primiparous cows, multiparous cows, all), milk yield, milk content parameters (fat, protein, lactose, somatic cell count), and reproductive parameters (age of first artificial insemination and first calving in heifers, open days (non-pregnancy), dry period, number of milking days, and artificial insemination rate per pregnancy). Significant differences were found in seven indicators.

When comparing Q fever-affected and unaffected herds based on their **population size**, significant differences were observed. Q fever-affected herds were found to be significantly larger (**p<0.001**) than unaffected herds across all animal groups: heifers (94.60±14.70 in affected herds and 12.50±3.08 in unaffected), primiparous cows (74.60±10.60 and 12.60±2.62, respectively), multiparous cows (113.30±14.40 and 24.60±4.04, respectively), and all animals combined (1890±24.50 and 37.20±6.45, respectively). Several authors have also previously highlighted large herd size (exceeding 100-200 animals) as a

significant difference and a possible risk factor in the incidence of the disease, for example in Northern Ireland (Ryan et al., 2011), Ireland (McCaughy et al., 2010), Denmark (Paul et al., 2012), the Netherlands (van Engelen et al., 2014), Portugal (Anastácio et al., 2016), Italy (Barlozzari et al., 2020), Spain (Alvarez et al., 2012), Estonia (Neare et al., 2023) and Latvia (Boroduske et al., 2017; Grantiņa-Ieviņa et al., 2021). This can be explained by the fact that a larger herd can promote a longer circulation of *C. burnetii* outdoors, exposing more animals to exposure.

By comparing **milk yield** or productivity indicators in standard lactation for different groups of cows (primiparous, multiparous, all), it was found that in herds affected by Q fever, milk yield in all groups of cows is significantly (**p<0.001**) higher than in unaffected herds. Milk yield for primiparous cows in standard lactation in Q fever-affected and unaffected herds were 7915.00±243.00kg and 5966.00±311.00kg, respectively, for the multiparous 9192.00±290.00kg and 7333.00±242.00kg respectively, for all 8715.00±264.00kg and 7042.00±219.00kg, respectively.

By comparing **the fat content of milk** in standard lactation for different groups of cows (primiparous, multiparous, all), it was found that in herds affected by Q fever, the fat content in milk is significantly (**p<0.001**) higher in all groups of cows than in unaffected herds. For primiparous cows, the fat content of milk in standard lactation in Q fever-affected and unaffected herds was 312.00±7.82kg and 239.00±12.42kg, respectively, for the multiparous 372.00±9.71kg and 302.00±9.95kg, respectively, for all 350.00±8.53kg and 288.00±8.90kg, respectively.

By comparing **the protein content of milk** in standard lactation for different groups of cows (primiparous, multiparous, all), it was found that in herds affected by Q fever, the protein content in milk is significantly (**p<0.001**) higher in all groups of cows than in unaffected herds. For primiparous cows, the protein content of milk in standard lactation in Q fever-affected and unaffected herds was 260.00±8.59kg and 191.00±10.23kg, respectively, for the multiparous 306.00±9.90kg and 240.00±8.17kg, respectively, for all 289.00±9.12kg and 229.00±7.44kg, respectively.

By comparing **the lactose content of milk** in standard lactation for different groups of cows (primiparous, multiparous, all), it was found that in herds affected by Q fever, the lactose content in milk is significantly (**p<0.001**) higher in all groups of cows than in unaffected herds. For primiparous cows, the lactose content of milk in standard lactation in Q fever-affected and unaffected herds was 376.00±13.70kg and 244.00±16.60kg, respectively, for the multiparous 425.00±16.10kg and 306.00±14.90kg, respectively, for all 406.00±14.90kg and 292.00±13.90kg, respectively.

Regarding **productivity indicators** (milk yield, fat, protein, and lactose content of milk in standard lactation), it was found that in our study, these indicators are significantly higher in all groups of cows (primiparous, multiparous, all) in herds affected by Q fever. Taking into account that high-yielding cows and herds are more sustainable, since each kilogram of milk produced (including fat, protein, and lactose) leaves a smaller impact on the environment than low-yielding cows and herds, in the future, breeding of high-yielding herds is a genetic expectation, with remote monitoring of welfare indicators, calculation of feed rations at the micronutrient level, preventive cow health monitoring, and accurate reproductive performance management (Britt et al., 2021). Therefore, attention should also be directed towards limiting infectious diseases.

Comparing the **somatic cell count (SCC)** in milk in standard lactation for different groups of cows (primiparous, multiparous, all), no statistically significant difference was found between primiparous cows' and multiparous cows' groups in Q fever-affected and unaffected herds ($p > 0.05$). In the primiparous cows' group, the somatic cell count in standard lactation was, on average, 97.70 ± 7.01 in Q fever-affected and 140.00 ± 28.4 unaffected herds; in the others, 193.10 ± 20.25 and 232.00 ± 18.70 1000 cells/mL, respectively. A significant ($p = 0.03$) difference in the somatic cell count was found in the group of all cows, 169.90 ± 18.98 in Q fever-affected and 212.00 ± 17.10 *1000 cells/mL unaffected herds, respectively. Extensive studies have been conducted on the excretion of *C. burnetii* in the milk of dairy cows in bulk tank milk samples, in which the DNA of the causative agent of Q fever was detected by the PCR method. It is also known that the causative agent can be constantly excreted with milk and sporadically (Guatteo et al., 2007). Fewer studies directly explain the association of *C. burnetii* in milk with clinical and subclinical mastitis, characterized by an increased SCC in milk. This is also complicated by the sporadic nature of the infectious agents' release. Despite this, some studies reveal a strong association between *C. burnetii* in milk and chronic subclinical mastitis in dairy cows (Barlow et al., 2008). In our study, the difference in SCC between affected and unaffected herds was insignificant in the other cow groups, suggesting that the presence of *C. burnetii* did not significantly impair udder health at the herd level. However, this question - the relationship between the presence of *C. burnetii* in milk and mastitis, characterized by increased SCC, remains open for further research.

By comparing the **number of milking days** for different groups of cows, no statistically significant differences were found for any of them ($p > 0.05$). The average number of milking days for primiparous cows was 389.00 ± 6.39 in Q fever-affected and 355.00 ± 16.57 in the unaffected herds, for multiparous cows

378.00 ± 5.02 and 385.00 ± 7.90, respectively, and all 382.00 ± 5.08 and 389.00 ± 7.13, respectively.

Comparing the age of **the first artificial insemination** and **first calving in heifers**, they were higher in Q fever-affected herds, 15.38 ± 0.37 and 26.39 ± 0.63 months, respectively, and 13.08 ± 0.82 and 22.23 ± 1.48 months, respectively, in unaffected herds, but the difference between parameters was not statistically significant ($p > 0.05$). Optimal fertility and higher milk yield in the first lactation are reached if the first calving age is 24-25 months. However, heifers, having the first calving at 22-23 months, present the best milk yield and survival indicators during the first five years. This is probably explainable: if the heifer has good reproductive health, it tends to remain (Wathes et al., 2008). On the other hand, if the growth of the heifer has been disturbed, it is possible to inseminate her at a later age; more insemination times can be necessary, the first calving happens later, and the following productive performance is disturbed (Wathes et al., 2008).

In the analysis of **open days (non-pregnancy period)** and the **dry period**, diminished metrics were observed in both parameters within herds affected by Q fever (148.27±5.33 and 60.07±1.57 days, respectively). Nevertheless, discernible differences from non-affected herds (152.83±8.44 and 63.59±1.91 days, respectively) was not statistically significant ($p > 0.05$).

Regarding the **frequency of artificial insemination (AI) per pregnancy**, a marked elevation ($p < 0.001$) was discerned in herds afflicted by Q fever, registering a less favorable rate (2.10±0.05), contrasting with the 1.76±0.06 frequency documented in unaffected herds. The AI rate per pregnancy is categorized as good at 1.6 times, average between 1.6 and 1.8 times, and deemed acceptable around two times, whereas a tally exceeding three AI instances per pregnancy is indicative of a suboptimal condition (Siatka et al., 2017). Notably, it is acknowledged that both the artificial insemination rate and the duration from calving to the first AI application tend to escalate with the advancing age of the animals (Mutmainna et al., 2022).

In summary, the key findings indicate notable differences in Q fever-affected herds during standard lactation. These include higher milk yield, and increased levels of fat, protein, and lactose in milk. Additionally, the somatic cell count was significantly lower in Q fever-affected herds, although not significantly different across all cows. A significant difference was observed in the greater number of animals across all animal groups in Q fever-affected herds. Moreover, Q fever-affected herds exhibited slightly shorter durations of open days and dry periods, albeit without statistical significance. Differences in the number of milking days among cow groups were also insignificant or of low significance between Q fever-affected and non-affected herds. Conversely, herds unaffected by Q fever demonstrated significantly better artificial insemination

rates per pregnancy, along with improved outcomes regarding the age of first artificial insemination and first calving in heifers, with medium significance.

Possible Risk Factors Contributing to the Spread of Q fever in Dairy Herds

Summarizing the results of the herd survey revealed several statistically significant risk factors and their combinations that may contribute to the spread of Q fever, as evidenced by statistically significant models ($p < 0.05$).

Similar to the findings from the herd monitoring results, the herd survey also identified a **high number of dairy cows** as the most significant difference and a potential risk factor for the incidence of Q fever in the herd ($p = 0.004$). Q fever-affected farms included in the survey exhibited an average of 370.00 ± 66.10 (min 15, max 1963) cows, whereas unaffected farms had an average of 39.00 ± 5.48 (min 3, max 107) cows. The analysis indicated that for each additional dairy cow in the herd, the likelihood of Q fever positivity increased by 5%. These results reinforce the earlier findings from the herd monitoring data, emphasizing the association between a higher number of animals and an elevated incidence of Q fever.

The study revealed that the **territorial density of cattle** is a significant ($p = 0.01$) potential risk factor in the spread of Q fever. In areas affected by the disease, the average density of animals was 9.91 animals/km², compared to 6.61 animals/km² in unaffected areas. With every unit increase in cattle density (animals/km²), the risk for the herd to be Q fever positive increased by 45%. This finding aligns with studies conducted by other authors, which identified increased territorial density of cattle as a contributing risk factor for the spread of the disease in various regions, including Sweden (Nusinovici et al., 2015), France (Pandit et al., 2016), and Denmark (Agger & Paul, 2014b).

If **animals were purchased**, the likelihood of the herd testing positive for Q fever increased by 80%. Moreover, if **purchased animals were imported** from abroad, the probability of the herd being positive for Q fever increased by 94%. However, neither of these factors reached statistical significance ($p > 0.05$). Interestingly, **vaccination and/or quarantine of purchased animals** was associated with a 50% increased chance of Q fever in the herd, although this indicator did not achieve statistical significance ($p > 0.05$). **The age of the farm in years** was, on average, 19.47 years in Q fever-unaffected herds and 17.06 years in affected herds; however, this difference was also not statistically significant ($p > 0.05$).

A **separate calving area** was present in 18.18% of Q fever-unaffected herds and 66.67% of Q fever-affected herds. The existence of a separate calving area

increased the likelihood of Q fever occurrence in the herd by nine times, making it a significant (**p<0.001**) possible risk factor in disease transmission. Given the declining prevalence of tie-stall barns for dairy herds, it is evident that efforts to mitigate the disease should prioritize the establishment of safe calving areas and equipment in free-stall housing barns.

A separate calving area combined with a dedicated sick area, including aborted animals, increased the likelihood of the herd being positive for Q fever by an additional 47.2% (95% CI: 1.73-51.86), a statistically significant finding (**p=0.01**). Conversely, the use of disinfectants in herds with a separate calving area reduced the odds of Q fever to 7.66 times.

Artificial ventilation (electric fans) and their combination with natural ventilation, was observed in 38.89% of Q fever-affected herds, whereas non-Q fever-affected herds relied solely on natural ventilation. The utilization of artificial ventilation in the barn elevated the disease incidence by 29 times and was deemed a significant (**p=0.002**) risk factor. This aligns with reports of a higher Q fever prevalence in the Netherlands, in goat sheds employing artificial ventilation (Schimmer et al., 2011). Notably, artificial ventilation is typically more prevalent in larger sheds (Mondaca, 2019).

The **type of cattle housing**, whether free-stall, tie-stall, or a mixed type, emerged as a significant potential risk factor for Q fever incidence. Free-stall housing was predominant in 60.61% of Q fever-affected herds compared to 27.27% in non-affected herds. This housing type elevated the likelihood of Q fever in the herd by 3.33 times and was deemed a significant risk factor (**p=0.01**). Conversely, tie-stall housing was prevalent in 63.64% of unaffected herds and 27.27% of affected herds. When compared to free-stall housing, tie-stall housing substantially reduced the incidence of Q fever in the herd by 81% (95% CI: 0.06-0.67), representing a significant protective factor (**p=0.009**). Mixed housing was observed in 12.12% of affected herds and 9.09% of unaffected herds. In comparison to free-stall housing, mixed housing exhibited a 40% reduction in Q fever incidence within the herd (95% CI: 0.09-4.12), although this finding did not reach statistical significance (**p>0.05**). Our study's findings align with those of Neare et al. (2023), who similarly identified free-stall or mixed-type housing as significant indicators of positive seroprevalence. However, it should be noted that in Europe, the expansion of dairy cow herds driven by economic considerations (Krpalkova et al., 2016; Jago & Berry, 2011) and recommendations for the welfare of dairy cows (EFSA, 2009) have led to the gradual disappearance of tie-stall housing. An evaluation of observed trends, based on the authors' personal experience as farm animal veterinarians, indicates a significant decline in tie-stall housing even in Latvia. Summarizing dairy farming trends in Latvia over the past decade, based on milk monitoring data (www.registri.ldc.gov.lv/lv/parraudziba), reveals an increase in the average

number of cows per herd from 23.85 (124,800 cows in 5,233 herds in 2012) to 34.94 (115,600 cows in 3,309 herds in 2022). Therefore, recognizing that tie-stall housing as a control method for Q fever may not be sustainable, attention should be directed towards developing alternative disease control measures that are effective in large herds with free-stall housing. The higher incidence of Q fever in free-stall housed animals can be attributed to conditions where animals are more likely to inhale the causative agent in the form of aerosols from contaminated materials such as amniotic fluid and placentas. Additionally, direct contact with humans and infected animals such as cats, rodents, and birds can contribute to the transmission of the disease (Capuano et al., 2001).

The presence of a **separate area for sick animals, including those that have aborted**, was observed in 43.75% of Q fever-affected herds and 18.18% of unaffected herds. This finding suggests that such an area within the shed increases the incidence of Q fever in the herd by 3.5 times. However, this association was deemed insignificant ($p>0.05$) in terms of statistical significance.

A majority of Q fever-affected herds (52.78%) and non-affected herds (68.18%) were housed in closed barns. **Closed housing** was associated with an increased odds of Q fever by 1.92 times, whereas housing in open barns reduced the incidence of Q fever by 48%. Despite these observations, these differences were not statistically significant ($p>0.05$).

The practice of changing clothing or using outerwear for farm staff within the shed was identified as a significant ($p=0.04$) potential risk factor contributing to the spread of Q fever, increasing the likelihood of Q fever occurrence by 4.14 times. Similarly, farm visitors' use of **outer clothing** was associated with a 3.27 times higher chance of Q fever, although this association did not reach statistical significance ($p>0.05$).

The use of disinfectants in the calving area appeared to be associated with a threefold higher probability of Q fever in the herd, albeit without statistical significance ($p>0.05$). This observation may be attributed to the fact that the presence of a separate calving area itself was already identified as a significant risk factor. Additionally, as mentioned earlier, the use of disinfectants in a separate calving area was found to reduce the probability of Q fever in the herd.

Farms with **deratization** and **optimal handling of the fetus and placenta in case of abortion** had, respectively, 2.57 and 1.81 times higher probability of Q fever, but this was not a statistically significant factor ($p>0.05$). Contrary to the opinions expressed in the literature about the widespread infection of wild animals (including rodents) with Q fever and their importance in the transmission of the disease, our study found that, although not essential, deratization was not carried out in herds unaffected by Q fever, or the only element of deratization was a cat's presence on the farm. On the other hand, the opposite practice - using rodenticides or a special deratization service - was ironically chosen by the farms

affected by Q fever. Deratization is undoubtedly considered an important hygiene practice, as, for example, the incidence of Q fever-positive rats has been found in several farms in the Netherlands (Reusken et al., 2011), and rodent eradication has been identified as an important factor in reducing the incidence of Q fever (Djellata et al., 2019).

The mean placenta removal time after calving in Q fever-affected herds was 15.56 hours compared to 8.0 hours in unaffected herds, which was found to be a non-significant difference ($p>0.05$). On the other hand, when **the time of placenta removal was modeled with the number of milking cows in the herd**, a significant relationship was found ($p<0.001$). If the time of placental removal did not change, with each new animal added to the herd, the chance of Q fever increased by 5% ($p=0.003$). If the number of dairy cows did not change, with the current placenta removal time, the chance of the herd being Q fever positive dropped by 10% ($p=0.019$).

The frequency of litter changes in the calving area was not found to be a possible risk factor ($p>0.05$). Similarly, **the hygiene measures during delivery assistance** - washing the hands and external genitalia of the dam, preparing the calving area, and using rubber gloves did not significantly affect the incidence of Q fever in the herd ($p>0.05$). Although the results of the herd survey in our study did not emphasize the importance of several factors of good hygiene practices (hygiene measures during delivery assistance, hygiene in the calving area, etc.), several recommendations of other authors were considered to be supported practices in order to limit the spread of Q fever (Paul et al., 2012), such as changing and/or disinfection of equipment, shoes, clothing. **The shared use of agricultural machinery** was also not confirmed as a significant factor in the incidence of Q fever ($p>0.05$).

The presence of ticks on dairy cows was observed in 86.36% of Q fever-unaffected and 19.44% of affected herds, which can be evaluated as a significant difference ($p<0.001$). In herds where ticks were not observed, the incidence of Q fever was more than 26 times higher than in herds where ticks were detected, probably due to intensive and significantly more frequent use of pastures. This strongly indicated that ticks were not considered a risk factor for the spread of Q fever. A correlation between the presence of ticks on animals and the occurrence of Q fever in herds has been found, for example, in the Netherlands (van Engelen et al., 2014) and Cyprus (Cantas et al., 2011). In both studies, the presence of ticks in cows or the unclear status of ticks was associated with an increased risk of Q fever as determined by the presence of *C. burnetii* by PCR in bulk tank milk or abortion material. In contrast, the presence of ticks is often associated with grazing practices and seasonal variation. While infected ticks have been identified as a potential source of Q fever infection (Capuano et al., 2001), experimental evidence suggests that certain hard tick species, such as *Ixodes*

ricinus, can transmit *C. burnetii* trans-stadially and serve as vectors in the disease's spread (Körner et al., 2020). However, Duron et al. (2015) argue that although ticks have been demonstrated as vectors of *C. burnetii* in experimental settings, their role in field transmission to animals may not be as significant. Furthermore, *Coxiella-like* bacteria, commonly found in ticks, are often mistaken for *Coxiella burnetii*.

Cattle hoof trimming was significantly ($p<0.001$) more frequent in herds affected by Q fever compared to unaffected herds (91.43% in affected herds vs. 45.45% in unaffected herds). In herds where hoof trimming occurred, the likelihood of testing positive for Q fever increased by 12.8 times, whereas in herds without hoof trimming, it decreased by 92%. However, the provision of **hoof trimming as an external service** was not found to be a significant risk factor ($p>0.05$) for disease transmission, contrary to the findings of Paul et al. (2012), as it was observed in both Q fever-affected (84.38%) and unaffected (90.00%) herds. Despite the lack of significance observed in this study, it is imperative that cattle hoof trimming equipment undergo thorough decontamination and disinfection after each farm visit.

A higher **number of employees** on the farm was identified as a possible risk factor contributing to the spread of Q fever. In herds affected by Q fever, the average number of workers was 12.24 ± 2.23 people, and in unaffected herds, 3.46 ± 0.46 , which was significantly ($p=0.014$) less. In case of an increase in the number of workers by one, the risk of Q fever in the herd increased by 28%. By evaluation of changes in the **number of employees** in the model with the **number of dairy cows** in the herd, it was found that at the existing number of animals, with an increase in the number of employees by one, the probability of occurrence of Q fever decreased by 6%.

A significant ($p=0.009$) potential risk factor in the spread of Q fever was identified in the **non-use of pastures**. The study revealed that 95.45% of herds unaffected by the disease utilized pastures, whereas only 55.56% of herds affected by Q fever utilized pastures. Lack of grazing increased the likelihood of Q fever by 16.8 times, whereas grazing reduced the likelihood of Q fever by 94%. This finding is consistent with a study conducted in Italy (Capuano et al., 2001), where permanent outdoor cow housing exhibited lower *C. burnetii* seroprevalence compared to seasonal pastures or permanent cow housing solely indoors. However, our study contrasts with findings from Estonia (Neare et al., 2023), where pasture utilization was directly linked to higher *C. burnetii* seroprevalence.

The openness of farms to visitors (such as for seminars, excursions, tourism, etc.) was determined to be a significant ($p=0.031$) risk factor. Farms that allowed visitors had a fourfold higher probability of testing positive for Q fever, while those not accepting visitors experienced a 75% reduction in this likelihood.

It is widely recognized that prohibiting visitors is among the long-term strategies for controlling Q fever transmission, serving to safeguard both individuals from infection and to curtail the dissemination of infectious diseases among animals (Panel & Ahaw, 2010).

While the practice of **farm workers also laboring on other farms** (including personal farms) was not significant in isolation ($p>0.05$), when **combined with the adoption of clothing changes or the use of outerwear by farm workers**, it significantly ($p=0.016$) increased the likelihood of Q fever occurrence to 8.16 times.

The presence of a **permanent veterinarian on the farm** who also provides services to other farms emerged as a potential risk factor ($p=0.05$).

The management of veterinary service, artificial insemination, and hoof trimming as outsourced services were detected as non-significant ($p>0.05$) possible risk factors in Q fever occurrence. The presence of **dogs, cats, sheep, and goats** in dairy herds and **the use of manure to improve agricultural lands** were not confirmed as significant risk factors either ($p>0.05$).

Evaluation of Health Parameters Related to Reproduction in Q fever Affected and Unaffected Herds

When assessing the calving performance of cows over the past year, notable differences were observed in several metrics between Q fever-affected and unaffected herds.

Twin pregnancies were found significantly ($p=0.006$) more frequently in Q fever-affected herds (averaging 4.69% of all pregnancies). In Q fever-unaffected herds, the incidence of twin pregnancies averaged 1.68%. An increase in twin pregnancies by 1% increased the probability of a herd being Q fever positive by 53%. It is known that a higher incidence of twin pregnancies has also been found in seropositive cows after double vaccination against Q fever (Garcia-Ispuerto et al., 2015). Although vaccination of animals against Q fever is not carried out in Latvia, infected animals naturally develop an immune response against the pathogen, which probably explains this phenomenon – the occurrence of more frequent twin pregnancies.

Significantly ($p=0.011$), the animals had **dystocia** more often in herds affected by Q fever (an average of 5.61% of calving cases), while in unaffected herds, this indicator was 1.96%. At this rate, for a 1% increase in the proportion of dystocia, the probability of a herd being Q fever positive increased by 42%. No direct association with Q fever was found in the literature for a significantly higher incidence of dystocia. However, considering both the literature, which

indicates that stillbirths and twin births are often associated with dystocia (Zaborski et al., 2009), as well as personal experiences in practice, it can be inferred that the elevated incidence of dystocia in Q fever-affected herds may be linked to stillbirths (uterine fetal death) or twin pregnancies, which, in turn, could be consequences of the presence of Q fever in the herd.

Stillbirths were observed significantly ($p=0.018$) more frequently in herds affected by Q fever, where it was 4.74% of all calving cases. In comparison, in herds unaffected by Q fever, this indicator was 2.32%. An increase in the incidence of stillbirths by 1% increased the probability of Q fever in the herd by 36%. Although Q fever has been more emphasized as the cause of abortions in sheep and goat herds (Selim et al., 2018; Waldhalm et al., 1978; Zeman et al., 1989), it is well described that Q fever causes abortions, premature delivery, stillbirth, and weak offspring (APSW complex) in dairy herds (Agerholm, 2013). Freick et al. (2017) note the influence of *C. burnetii* immune responses or presence on the occurrence of premature delivery, which was also confirmed in our study.

The occurrence of **abortions** was detected significantly ($p=0.04$) more frequently in herds affected by Q fever, accounting for an average of 4.11% of all pregnancies. In Q fever-unaffected herds, this rate was lower by more than half, accounting for 2.00% of all pregnancies. In case of an increase in abortions by 1%, the probability of Q fever increased by 26%. In our study, the 4% abortion threshold was exceeded in 41.67% of affected and 27.27% of unaffected herds. If there are three abortions per year in cattle herds with up to 100 animals, and at least 4% of animals per year in a herd where the number of animals exceeds 100, there is suspicion of the possible presence of Q fever in it (Sidi-Boumedine et al., 2010). A high incidence of abortions can also be attributed to the presence of various causative agents commonly found in cases of abortions in Latvia. These include *Listeria spp.*, such as *Listeria monocytogenes* (Steingolde et al., 2014), as well as *L. innocua* and *L. seeligeri* (Piginka-Vjaceslavova et al., 2020). Additionally, other reports (Derdour et al., 2017) confirm the simultaneous presence of *C. burnetii* and other agents such as *Neospora caninum*, *Listeria spp.*, *Brucella abortus*, and *BVD* in cases of abortion. Several studies have investigated the role of *C. burnetii* in abortion incidence in dairy cow herds (Derdour et al., 2017; Djellata et al., 2019; Hässig & Lubsen, 1998; Parisi et al., 2006; Saegerman et al., 2022). Using the PCR method, these studies detected *C. burnetii* as the cause of abortion in 1.67% to 11.6% of abortion cases. Association with *C. burnetii* in cases of cow abortions in Latvia, determining the immune response in the blood serum of aborting cows (and calves), found from 13.4% (Boroduske et al., 2017) to 20.62% (Grantiņa-Ieviņa et al., 2021) of the tested animals. In the most extensive study on the prevalence of Q fever in Latvia, 1,557 serum samples of aborting cows (from 573 sheds in 79 parishes throughout the

country) and 744 abortion material samples (from 308 sheds in 68 parishes throughout the country) were tested. A positive immune response to *C. burnetii* was detected in the serum of 321 (20.62%) aborted animals (from 30 sheds in 30 parishes) and by PCR method in 28 (3.76%) abortion materials (from 5 sheds in 4 parishes) (Grantiņa-Ieviņa et al., 2021). When evaluating *C. burnetii* incidence of immune response in cases of abortions in three years (2018 - 2020), it was relatively unchanged - from 13.45% - 22.42% of aborted animals (Grantiņa-Ieviņa et al., 2021).

Laboratory testing for the causes of abortions was more often carried out in herds affected by Q fever (80.00% of affected, 61.90% of unaffected herds). In both Q fever-affected and non-affected herds, the Schmalenberg virus was the most common cause of abortion (in 13 and 4 herds, respectively). In the Q fever-affected herds, the following causes were observed: Q fever (11 herds), unknown agent (7 herds), *Listeria* spp. (4 herds), Bovine Viral Diarrhea (BVD) (3 herds), and *Leptospira* spp. (2 herds). In the Q fever-unaffected herds, the second most frequent cause was an unknown agent (3 herds), followed by *Listeria* spp. (1 herd), and Respiratory Syncytial Virus (1 herd).

When assessing the incidence of postpartum diseases during the last year, significant differences were found in several indicators between herds affected by Q fever and unaffected.

Acute postpartum metritis was found to occur significantly more often ($p=0.0011$) in herds affected by Q fever, affecting 8.06% of animals compared to 2.62% in non-Q fever-affected herds. For every 1% increase in the incidence of acute postpartum metritis, the probability of the herd being Q fever positive increased by 23%. Postpartum metritis, characterized by an enlarged uterus, red-brown watery discharge, systemic signs of illness, and fever within 21 days after calving (Sheldon et al., 2006), has been associated with Q fever infection, with studies showing a higher incidence in seropositive animals (To et al., 1998). While this association has been both questioned (Muskens et al., 2011) and recognized as an area requiring further research on a larger scale (Turcotte et al., 2021), Freick et al. (2017) describe the influence of *C. burnetii* immune responses or presence on postpartum metritis incidence in primiparous cows, particularly those seronegative to *C. burnetii* three weeks before calving. Consistent with these findings, our survey results also indicated a significantly higher incidence of postpartum metritis in Q fever-affected herds.

More often, but not significantly ($p>0.05$), indicators such as **pre- and postpartum laying cow syndrome** (5.09% and 3.14% of calvings, respectively), **clinical endometritis** (6.71% and 3.56% of animals, respectively), **retained fetal membranes** (6.00% and 4.05% of calvings, respectively), and **hypocalcemia** (7.67% and 5.14% of calvings, respectively) were detected in Q fever-affected herds. Freick et al. (2017) have described the negligible influence

of *C. burnetii* on the incidence of retained fetal membranes, which aligns with our research results.

On the other hand, indicators such as **the proportion of prolonged estrus cycles**, the incidence of **mastitis** (both clinical and subclinical), and the incidence of **subclinical endometritis** were not significantly ($p>0.05$) higher in Q fever unaffected herds (12.31% and 8.50%; 12.27% and 11.86%; 5.71% and 4.58%, respectively). The higher incidence of mastitis in Q fever-unaffected herds was consistent with the results of herd monitoring indicators, where a higher herd-level somatic cell count (SCC) was found specifically in Q fever-unaffected herds. This leaves space for further research on the role of *C. burnetii* as a causative agent of mastitis. It has been convincingly approved that *C. burnetii* has a role in clinical and subclinical endometritis and the following low fertility or infertility for cows. By identifying *C. burnetii* antigens in endometrium macrophages of infertile cows as the sole pathogen, De Biase et al. (2018) were the first who reported the association of the presence of *C. burnetii* with endometritis, uterine vasculitis, and fibrosis, leading to reduced fertility or, in more severe cases, infertility in cows. Also, Freick et al. (2017) described the effect of *C. burnetii* on the incidence of endometritis 42 days after calving in primiparous cows that were seronegative three weeks before calving. Our study did not differentiate the incidence of endometritis in primiparous and multiparous cows. However, the combined assessment showed an association between *C. burnetii*'s positive status and a higher incidence of endometritis.

The survey included topics about the number of animals and reasons **for culling them**. It was found that in herds affected by Q fever, an average of $6.27\pm 2.22\%$ of animals were culled during the last year; in Q fever-unaffected herds, an average of $9.39\pm 2.21\%$ of the animals were culled; this difference was not significant ($p>0.05$). By summarizing the reasons for culling, it was found that due to **leg problems** in herds affected by Q fever, animals were culled significantly (**$p=0.00906$**) more often than in Q fever-unaffected herds (19 (52.78%) and 4 (18.18%) animals, respectively).

The differences in other reasons for culling between Q fever-affected and non-affected herds were found to be insignificant ($p>0.05$). Animals were culled due to **reproductive problems** in 17 (47.22%) Q fever-affected and 11 (50.00%) non-affected herds. **Udder problems** were the cause of culling in 13 (36.11%) Q fever-affected and 12 (54.55%) non-affected herds. **Low productivity** was the reason for culling in 4 (11.11%) Q fever-affected and 3 (13.64%) non-affected herds. Animals were culled due to **trauma** in 7 (19.44%) Q fever affected and 2 (9.09%) unaffected herds. **Other reasons** for culling were noted by 7 (19.44%) Q fever affected and 8 (36.36%) unaffected herds.

By summarizing the chapter, the following possible risk factors promoting the spread of Q fever were identified as important: a large number of dairy cows in the herd (>370), high territorial density of cattle (\geq nine animals/km²), a separate calving area, artificial ventilation in the barn, the type of tie-stall housing, and changing clothing or using outerwear for staff. The influence of a separate calving area as a possible risk factor was enhanced by the presence of an area for sick and aborted animals but reduced by the use of disinfectants. The results showed that the timing of the removal of the placenta after calving is important because as the number of animals in the herd increases, the chance of Q fever can increase significantly. It was also found that the presence of ticks in dairy cows is not associated with an increased incidence of Q fever; on the contrary - if the animals used pastures, which also explains the presence of ticks, the incidence of Q fever decreased. Other significant possible risk factors for the spread of the disease were hoof trimming for cattle, the openness of the farm to visitors (e.g. seminars, tours), and the number of employees on the farm (≥ 12), but an interesting finding was that with a large number of animals in the herd, an increase in the number of employees could reduce the possibility of Q fever occurrence, which can probably be explained by the non-overlapping of employee functions and groups of animals to be served. The fact that employees also worked on other farms and used changes in clothing or outer clothing also significantly increased the possibility of the occurrence of Q fever. When evaluating the incidence of twin pregnancies, dystocia, stillbirths, and abortions during the last year, it was significantly higher in Q fever-affected herds. Also, in the Q fever-affected herds, when abortion cases were investigated, Q fever was the second most frequent laboratory-confirmed diagnosis. A significantly higher incidence of acute postpartum metritis was also found in the affected herds. Ironically, animals were most often culled in Q fever-affected herds due to leg, reproduction, and udder problems, ranking second and third, respectively. In herds unaffected by Q fever, the most common reasons for culling were udder and reproduction problems. The health problems mentioned in our study are consistent with other authors' opinions on the most frequent reasons for animal culling (Ansari-Lari et al., 2012; Bascom & Young, 1998; Hadley et al., 2006; Lee & Kim, 2006; Rilanto et al., 2020; Wondatir Workie et al., 2021).

Serological Immune Response to *Coxiella burnetii* and Presence in Milk in Individual Samples

At the herd level, summarizing the results of initial and repeated testing of serum and milk samples from individual animals, a *C. burnetii* **immune**

response in serum and/or **presence** in milk was detected at least once in 14 out of a total of 15 herds included in this research activity (Table 1).

In the initial testing, *C. burnetii*'s **immune response** in serum was detected in animals in 12 herds, repeatedly in 11 herds. *C. burnetii*'s **presence** in milk was initially detected in five herds and repeatedly in eight herds.

It was observed that in herds initially showing only *C. burnetii* immune responses (herds No. 5 and 7), during re-examination, the presence of *C. burnetii* in milk was also detected. This finding could be attributed to the sporadic release of the agent (Guatteo et al., 2007) or, in our case, partly to the fact that during repeated examination, the presence of *C. burnetii* was identified in the milk of three primiparous cows. These cows were seronegative pregnant heifers at the time of the initial examination, and milk samples were not obtained from them. For animals without both immune response and presence in milk during the initial testing (No. 13 and 14), the repeated examination revealed an immune response (No. 13) or both an immune response and the presence of *C. burnetii* in milk (No. 14), indicating the spread of infection within the herd. Conversely, in herds where *C. burnetii* seropositive animals were initially culled (No. 8 and 15), no new *C. burnetii* positive animals were found upon re-examination. This suggests that culling affected animals could limit new cases of infection and further disease spread. The herd in which none of the randomly selected animals was initially found to be *C. burnetii* positive (No. 6) maintained this status even after re-examination.

At the individual animal level, summarizing the initial and repeated results of *C. burnetii* immune response and presence in milk (see Table 2) enabled the observation of trends in the spread of infection among animals.

By summarizing the results of the individual examinations, the following findings were made: during **the initial examination**, the *C. burnetii* phase I antigen-specific immune response was found in 15 animals (10.71% of 140 tested), the phase II antigen-specific immune response was found in three animals (2.14% of the 140 tested), and the common immune response was found in 19 animals (20.21% of 94 tested). In four animals, both antigen-specific and common immune responses of phase I were detected, while in two animals, they were antigen-specific for both phases and common immune responses. At least one type of *C. burnetii* immune response was detected in 29 animals (20.71%), including one pregnant heifer, from the 140 animals examined initially. In the **repeated** examination, the *C. burnetii* phase I antigen-specific **immune response** was detected in 14 cows (12.17% of 115 tested), phase II antigen-specific in four cows (3.48% of 115 tested), and common immune response in 25 cows (31.65% of 79 tested). The specific immune response of both antigen phases was detected in four cows, the specific and common immune response of phase I antigen in three cows, and the specific and common immune response of

both antigen phases in two cows. Overall, of the 115 re-examined blood serum samples of cows, at least one type of *C. burnetii* immune response was found in 34 cows (29.57%), and this increase is considered statistically insignificant ($p>0.05$). In our study, *C. burnetii* phase II antigen-specific **immune response** was detected initially in three cows (2.14%) and repeatedly in four cows (3.48%). This contradicted the study by Böttcher et al. (2011), in which a phase II antigen-specific immune response was a frequent finding, and studies by other authors, in which it varied from 60.4% (To et al., 1998), examining cows with reproductive disorders, and 23.8% (Lang, 1988) to 39.0% (Ruiz-Fons et al., 2008) in randomly selected cows. A possible explanation for this phenomenon could be that the animals selected for our study were infected earlier, so the typical antibodies of the acute phase of Q fever were no longer detectable.

Initially, *C. burnetii*'s **presence** in milk was detected in 6 cows (5.83% of 103 tested). In a repeated examination, the presence of *C. burnetii* in milk was found in 11 (11.70% of 94 tested) cows, and this **increase** is considered significant ($p<0.001$). It should be noted that studies by other authors found a higher presence of *C. burnetii* in milk - from 32% of animals in 12 herds (Angen et al., 2011) to 50% of animals in five herds (Guatteo et al., 2007). However, our results are closer to To et al. (1998), who described 24.6% of cows with reproductive disorders, and Gyuranecz et al. (2012), who described 8.7% in randomly selected cows. In our study, the presence of *C. burnetii* in the milk without an immune response was also initially detected in two animals, and this was in agreement with the study of Barberio et al. (2014), in which, out of 36 cows with *C. burnetii* excretion in milk, antibodies were not detected in the blood serum of 11 cows. The explanation for this phenomenon is that if the animal has recently been affected by Q fever infection, the release of *C. burnetii* in milk may not be consistent with the immune response in blood serum (Garcia-Ispuerto et al., 2013).

During the initial examination, *C. burnetii*'s **immune response** and **presence** in milk were detected in 4 cows (3.88% of 103 tested). During a repeated examination, both indicators were found to be positive in 8 (8.51% of 94 tested) cows, but this increase is considered statistically insignificant ($p>0.05$).

Studying the prevalence of common *C. burnetii* immune response in heifers, our results were consistent with the study of Freick et al. (2017), which found that heifers that were seronegative at nine months of age and three weeks before calving showed a significantly higher increase in the number of seropositive animals during the first 42–100 days after calving, indicating a possible infection right at the time of calving. The significant increase in the proportion of *C. burnetii*-positive animals, both in terms of immune response and presence, in the first lactation in initially seronegative heifers is also described by Nogareda et al. (2012).

Evaluating the changes in the status of animals regarding *C. burnetii* during the period from the initial to the repeated examination (in intervals from 7 to 13 months), we found three possible outcomes. Two of them were to maintain the existing status of *C. burnetii* (positive or negative) or change to the opposite. The third possible outcome was the elimination of the animal from the herd (culling or death).

Thus, from initially 31 *C. burnetii* positive animals, 20 (64.52%) animals maintained their positive status during the repeated examination, 4 (12.90%) changed their status to *C. burnetii* negative, and 7 (22.58%) died or were eliminated. From the initially 109 *C. burnetii* negative animals, 17 (15.60%) animals changed the status to *C. burnetii* positive, 74 (67.89%) remained *C. burnetii* negative, and 18 (16.51%) died or were eliminated. Therefore, the initial *C. burnetii* status of most animals remained unchanged over time until re-examination after 7-13.5 months (64.52% positive and 67.89% negative, respectively). However, 17 (15.60%) new cases of infection were detected at the re-examination in animals, which showed an active spread of infection.

While continuing to study the new cases of infection, we found that at re-examination, **the number of animals with *C. burnetii*-positive status** had increased significantly ($p<0.05$). The increase was from 31 initially positive animals (22.14% of 140) to 37 positive animals when tested repeatedly (32.17% of 115). At the same time, this meant a significant ($p<0.05$) reduction of animals with a negative *C. burnetii* status from 109 (77.86%) to 78 (67.83%) animals. By the time of re-examination, 25 (17.86%) of the 140 animals that were initially examined had died or had been eliminated.

When studying **the new cases of infection** by categories of animals, we found that out of a total of 17 new infections, 10 cases (58.82%) were multiparous cows, but 7 (41.18%) – primiparous cows, which during the initial examination were seronegative **heifers**. In this group, new infection cases were significantly increased ($p<0.05$).

When evaluating the incidence of *C. burnetii* **immune response and presence in groups with or without reproduction problems in their anamnesis** (multiple artificial inseminations, prolonged estrus cycles, abortions, stillbirths), we found that, initially, in the group labelled "Animals with reproductive problems in their anamnesis" the immune response to the phase I specific antigen of *C. burnetii* was detectable in 12 (18.18% of all 66 tested) animals, the immune response to the phase II specific antigen was detectable in 2 (3.03% of all 66 tested) animals, a common immune response was detectable in 15 (35.71% of 42, tested by IDVet) animals, but the presence in the milk was detectable in 4 (8.00% of 50 tested) cows.

In a control group, "Animals without reproduction problems in their anamnesis" we found that, initially, an immune response to the phase I specific antigen of *C. burnetii* was detectable in 3 (4.05% of all 74 tested) animals that was a significantly ($p<0.05$) lower rate comparing to the problem group. An immune response to the phase II specific antigen of *C. burnetii* was detected for one (1.35% of all 74 tested) animal; the difference from the problem group was not statistically significant ($p>0.05$). The common immune response was detected in 4 (7.69% of 52, tested by IDVet) animals, which was a significantly ($p<0.001$) lower rate compared to the problem group. The presence of *C. burnetii* in milk was detected in 2 (3.77% of 53 tested) cows in the control group, and the difference from the problem group was not statistically significant ($p>0.05$). Also, studies by other authors (Cabassi et al., 2006; Vidic et al., 1990; Sting et al., 2002) have revealed a higher risk of abortions specifically in seropositive animals. Shedding of *C. burnetii* in milk is more common in herds that report reproductive disorders, and a significant association between *C. burnetii*-positive samples and animal infertility has been found (Anastácio et al., 2016). The results of our study also confirmed the connection between *C. burnetii*'s positive status and reproductive problems.

By summarizing the chapter, it becomes evident that at the herd level in the affected herds, the spread of *C. burnetii* persisted and even increased. This was observed through the discovery of new infection cases and the identification of additional bacteria-shedding instances in the milk of animals that were initially only seropositive. At the individual animal level, among *C. burnetii* positive animals, there was a persistence of the initial type of immune response and the presence of *C. burnetii* in milk. Repeated examinations revealed the emergence of various types of immune responses in initially seronegative animals and a shift in the immune response type. Interestingly, the majority (64.52% of initially positive and 67.89% of negative animals) maintained their *C. burnetii* status, but there was a notable shift, with 15.60% of initially negative animals becoming positive, indicating new infection cases, with 41.18% of them being initially pregnant heifers. Furthermore, when assessing the relationship between *C. burnetii* immune response and presence and reproductive problems in the animals' anamnesis, it was found that the immune response to the *C. burnetii* phase I specific antigen and the common immune response were significantly more prevalent in animals with reproductive issues in anamnesis compared to the control group.

Subsequent Reproductive Performance and Productivity in Animals after Abortion with *Coxiella burnetii* Serological Immune Response or Presence

The average **number of lactations** in which abortions were found in animals was higher in the *C. burnetii* positive animals ($p=0.048$), showing 1.88 ± 0.13 lactations and 1.52 ± 0.12 lactations in negative animals, respectively. A more detailed study of the data on the number of lactations in which abortion occurred showed that in a group of *C. burnetii* positive animals, 29 (19.60%) abortions were found in heifers, 42 (28.38%) in primiparous cows, 33 (22.30%) in second lactation cows and 44 (29.73%) in cows with three and more lactations. In the group of *C. burnetii* negative animals, 38 (25.50%) abortions were found in heifers, 49 (32.89%) in primiparous cows, 29 (19.46%) in second-lactation cows and 33 (22.15%) in cows with three or more lactations. *C. burnetii*-positive animals had abortions the most often with the third or more lactations, while *C. burnetii*-negative animals had abortions most often in the first lactation. However, statistically significant differences between the groups, judging by the number of lactations, were not found ($p>0.05$). The results of our study were consistent with Paul et al. (2012), who found a higher incidence of *C. burnetii* in older animals because the number of lactations is an indirect indicator of the age of the animals.

The average **duration of pregnancy in months** at the time of abortion in the group of *C. burnetii*-positive animals was 6.26 ± 0.20 months. The difference was insignificant in the group of negative animals, 6.42 ± 0.20 months ($p>0.05$). A more detailed study of the data on the month of pregnancy in which the abortion occurred showed that in the group of *C. burnetii*-positive animals, there were 29 (19.60%) abortions in the first trimester (1-3 months of pregnancy), 33 (22.28%) abortions in the second trimester (4-6 months of pregnancy) and 86 (58.11%) abortions in the third trimester (7-9 months of pregnancy). In the group of *C. burnetii* negative animals, there were 26 (17.45%) abortions in the first trimester, 38 (25.50%) abortions in the second trimester, and 85 (57.05%) abortions in the third trimester; the differences between the groups of *C. burnetii* positive and negative animals in each of trimesters were not statistically significant ($p>0.05$). The high incidence of abortions in the groups of both positive and negative animals in the last trimester of pregnancy (7-9 months) can be explained by the fact that the fetuses of late abortions are often sent to find out the causes of abortions because early abortions (up to 4 months of pregnancy) are often not seen on farms and are not reported (Mee, 2023).

In the study summarizing **the outcomes** for animals **after abortion**, they were found to be three: immediately after the abortion, the animal was

eliminated, the same lactation continued, or a new lactation was started. Immediately after abortion, 66 (44.60%) *C. burnetii*-positive animals were eliminated, the same lactation continued in 48 (32.43%), and new lactation started in 34 (22.97%) animals. In the group of *C. burnetii* negative animals, 63 (42.28%) were eliminated immediately after the abortion, the existing lactation continued in 39 (26.17%), and a new lactation started in 47 (31.54%) animals. The differences between the groups of *C. burnetii* positive and negative animals in each outcome were not statistically significant ($p>0.05$). Elimination of the animal soon after abortion is consistent with the Ansari-Lari et al. (2012) study, in which 28% of animals were culled within the first 100 days after calving. However, the average number of days from calving to culling was 240. In our study, we observed a similar trend - inseminated animals that did not have a new pregnancy were excluded from the herd during the following 240 days after abortion. It is known that each case of abortion causes economic losses due to lost offspring, extended inter-calving interval, and earlier removal of productive animals from the herd. It is estimated that a dairy cow's abortion brings a loss of about 1415 US dollars (Cantón et al., 2022).

Continuing data research on animals that continued the same lactation or started a new one, we found that in both cases, two possibilities followed - after the abortion, a **new pregnancy occurred**, which was followed by calving, or a new pregnancy did not occur, and the animal was culled as non-pregnant.

If the animal continued the same lactation after the abortion, there was a tendency for *C. burnetii*-positive animals to have fewer new pregnancies compared to *C. burnetii*-negative animals (36 (75.00%) positive and 30 (76.92%) negative animals, respectively), which was observed together with a higher culling of non-pregnant animals (respectively 12 (25.00%) positive and 9 (23.08%) negative animals). The same tendency was observed if a new lactation started after the abortion – fewer new pregnancies in *C. burnetii* positive animals compared to negative ones (20 (58.82%) in positive and 32 (68.09%) in negative ones, respectively). As non-pregnant animals in a new lactation were culled, 14 were (41.18%) *C. burnetii* positive and 15 (31.91%) were negative animals, but the differences between the groups were not statistically significant ($p>0.05$). Summarizing the above, it follows that from the initially 148 *C. burnetii*-positive animals, 56 new offspring (of which 51 were live) were produced in pregnancy after abortion. From 149 *C. burnetii* negative animals, 62 new offspring (of which 53 were live) were produced, but this difference was found to be statistically insignificant ($p>0.05$).

When comparing the reproduction indicators of *C. burnetii* positive and negative animals, which **continued the same or started a new lactation after the abortion**, no statistically significant differences were found.

In our study, we evaluated the intervals between repeated artificial inseminations (AI) in pregnancy following abortion. They were defined as prolonged if they exceeded normal estrus cycle length (over 23 days or over 48 days) (Crowe, 2016). **Prolonged estrus cycles** were observed in 16.67% - 20.00% *C. burnetii* positive and 6.67% - 21.88% negative animals; significant differences between groups were not found. Prolonged estrus cycles in both heifers and cows are a sign of an early (up to 15-17 days of pregnancy) or late (approximately 42 days of pregnancy) embryo death, both of which are most common in dairy herds. If pregnancy is interrupted later (after 50 days of pregnancy), it is defined as fetal death, and that is observed less often (Santos et al., 2004). In high-yielding dairy herds, there is a significant loss of embryos and fetuses in the 42nd – 56th days of pregnancy. There are several explanations: insufficient quality of oocytes that result in weakly developed embryos, inability to create a mutual connection with epitheliocytes of the endometrium, inappropriate uterine environment, and presence of agents of infectious diseases. Such embryo or fetal deaths occur as a result of insufficient nutritive supply (Santos et al., 2004). A prevalence of late embryo deaths was reported from 7.2 % in dairy cows held in pastures and 6.1% in heifers on days 28 – 84 of pregnancy (Silke et al., 2002) in up to 20.2% of intensive production dairy cows (Vasconcelos et al., 1997). Studies by other authors reveal pregnancy termination from days 38 – 90 in 10.2% of cows (López-Gatius, 2003), in days 32 – 86 in 7.79% of cows and heifers (of which early embryo deaths occur in 44.77%, late deaths in 55.23% of animals) (Zobel et al., 2011), and in days 60-70, in 19.3% of cows (Gábor et al., 2016). The causes of embryonic and fetal deaths have not only been linked to the genetic potential of a cow (Diskin & Morris, 2008), but also no connection has been found between previous synchronization and the loss of pregnancy (López-Gatius et al., 2002). It is known that changes in a cow's body condition may affect the outcome of pregnancy, especially between days 28 and 56 of gestation (Silke et al., 2002). Research has shown that the risk of pregnancy loss is 2.4 times higher in cows that experience a decrease of at least one point in their body condition score during early lactation compared to cows whose body condition remains stable (López-Gatius et al., 2002). Thus, negative energy balance during early lactation can decrease fertility (Kim & Jeong, 2019) and potentially increase the risk of pregnancy loss. Additionally, there is a well-established correlation between embryo mortality and the cow's lactation number – as lactation number increases, the prevalence of late embryo death also tends to increase (Balendran et al., 2008; Nyman et al., 2018). The reasons for embryo death include age-related endocrine changes in animals (Bajaj & Sharma, 2011; Lee & Kim, 2006), twin pregnancy (López-Gatius et al., 2012), inadequate uterine internal environment, and postpartum period diseases such as subclinical endometritis (Santos et al., 2004). Additionally, *C. burnetii* has been confirmed

to cause endometritis (De Biase et al., 2018). Furthermore, recent studies have directly linked Q fever infection in the herd to embryo death. Research comparing cows with a positive *C. burnetii* phase-specific immune response found that 18% of seropositive cows experienced embryo death between days 29-35 and 60-70 of pregnancy (Dobos et al., 2020). A high prevalence of seropositivity was observed, with 80.5% of multiparous cows and 94.4% of primiparous cows experiencing early termination of pregnancy. Cows with termination of pregnancy showed a higher seropositivity of *C. burnetii* phase I antigen prevalence (50.0%) compared to cows with maintained pregnancy (38.5%) (Dobos et al., 2020), indicating the detrimental effect of *C. burnetii* on maintaining pregnancy.

If a late abortion, after which a new lactation began, was evaluated as calving, then no significant differences ($p>0.05$) were found in indicators such as **time to the first AI, open days, onset of pregnancy after the first AI, and onset of pregnancy up to 150 days** between the groups of *C. burnetii* positive and negative animals. This finding aligns with the study of Freick et al. (2017), which found no significant differences in these indicators when testing the immune response of animals in serum (ELISA) and the presence of *C. burnetii* in vaginal secretions and milk (PCR). Similarly, Turcotte et al. (2023), in a pilot study where the ovulation synchronization protocol was applied, and the first AI around 70 days after calving was performed, did not detect worse conception rates after the first AI in cows with positive *C. burnetii* immune response but emphasized the necessity to continue research on a larger scale. The onset of pregnancy after the first AI is influenced by factors such as season, length of voluntary waiting period (Souames & Berrama, 2020), increased body temperature (Demetrio et al., 2007), and ambient temperature (Gabor et al., 2016). It is mentioned that with a voluntary waiting period of 50-100 days, the possibility of pregnancy after the first AI increases significantly (Souames & Berrama, 2020). Pregnancy after the first AI is usually reported in less than 50% of dairy cows (Endo, 2022) or even less, around 34% (Yusuf et al., 2011). In our study, if abortion started a new lactation, it was 50.00% - and was the same in both *C. burnetii* positive and negative animals. It should be noted that this indicator was even higher in the animals that continued the same lactation after the abortion: 60.00% in the group of *C. burnetii* positive and 69.44% in the group of negative animals (the difference is statistically insignificant at ($p>0.05$)). Taking into account the fact of abortion, in our study, this high rate was not unequivocally evaluated as optimal or satisfactory, although it showed that even after abortion, the insemination of animals is successful.

Based on the finding that no significant differences were found in the reproduction indicators between the groups of *C. burnetii* positive and negative animals, in the continuation of the study, we compared the individual

reproduction and productivity indicators of each aborted animal against the common monitoring indicators of the herd of this animal for the corresponding year.

By comparing **the open days** of the aborted animals with the herd average of the relevant year, it was found that for cows that continued the same lactation after the abortion, it was 143.30 ± 11.70 days more than the average service period of the herds; this difference was significant ($p < 0.05$). **The number of artificial inseminations** per pregnancy in aborted animals did not differ from herd averages. According to Siatka et al. (2017), this number of AIs can be acceptable.

The milk yield, fat, and protein content of the aborting animals in standard lactation (305 days) was at an average level for the herd. **The somatic cell count** in milk in standard lactation was 0.83 ± 0.17 log (2) units lower ($p < 0.05$) than in cows of similar age (lactation) in the same herd.

In aborting animals that started a new lactation after the abortion, no differences were found in the number of **open days** and **the number of artificial inseminations** per pregnancy from the average values of the herd. When evaluating milk yield in new lactations, all cows that aborted, regardless of their *C. burnetii* status, can be predicted to have an average of 1523.20 ± 292.80 kg lower **milk yield**, an average of 54.90 ± 12.00 kg lower **fat** content and an average of 43.30 ± 9.40 kg lower **protein** content during standard lactation. In new lactation, the **somatic cell count** was 1.30 ± 0.17 log (2) units or 2.4 times lower ($p < 0.05$) than in cows of similar age (lactation) in the same herd. By evaluating the milk yield in more detail, it was found that the milk yield of the primiparous cows that aborted ($n=35$) was significantly lower (-1730.65 ± 412.87 kg) than the average first milk yield of primiparous cows in their herd. A decrease in milk yield by ~ 1300 or ~ 1400 kg was also observed in cows of the second, third, and multiple lactations, compared to the average milk yield of the other cows of the given herd. In the data collection, we found that new lactation can also be shortened (on average 292.74 ± 3.53 days). However, this did not explain all standard lactations and a significant decrease in milk yield by ~ 1500 kg. Abortions in heifers were observed on average 2.12 ± 0.27 months before the herd's average age of first calving. As already mentioned, some of the heifers that aborted were culled, but those that started a new lactation after the abortion ($n=35$) had a similar rate of 2.31 ± 0.28 months. It is known that heifers which have their first calving by the age of 22-23 months (after a full gestation period) show the best milk yield and survival rates during the first five years (Wathes et al., 2008). In our study, heifers started lactation earlier due to abortion, thus showing lower productivity already in their first standard lactation. However, the negative effect of the initiation of lactation from an abortion on the subsequent productivity was found not only in primiparous cows but also in the other cows that aborted, showing lower milk yields in standard lactation as the herd average,

which also indicates the animal's unpreparedness for starting a new lactation. The dry period is mainly observed at around 60 days. However, it has been found that a shortened dry period (40 days), if it is specially managed, has a positive effect on the further use of the animals, and milk yield is not affected (Shoshani et al., 2014; Kok et al., 2019). On the other hand, if the dry period is shortened due to premature calving (including abortions, or in cases of twin pregnancies), future milk yield is predicted to be lower (Rastani & Grummer, 2006). Earlier initiation of lactation in such cases is also associated with the risk of drug residues in the milk if antibacterial drugs were administered intramammary to the animal before the dry period.

By summarizing the chapter, the tendency was visible that abortions with *C. burnetii* immune response or presence-related are observed in older (multiple lactation) cows, from with two or more lactations, but at least 19.60% of cases also occur in heifers. Regarding the length of pregnancy, when abortions were observed, it was found that more than half of the investigated abortion cases happened in the last trimester of pregnancy. However, no significant differences were observed between the groups of *C. burnetii*-positive and negative animals. When evaluating the impact of abortions on the future use of the animal, we found that 44.60% of *C. burnetii*-positive animals that aborted were culled immediately after the abortion, 32.43% continued the same lactation, and 22.97% of the animals (including pregnant heifers) that had aborted started a new lactation. After the abortion, during the continuation of the same or the beginning of a new lactation, not all animals became pregnant. Therefore, they were culled as non-pregnant. Therefore, out of 148 *C. burnetii*-positive animals included in this research activity, a new pregnancy after abortion occurred and ended with calving in 56 cows (51 live offspring), while in the group of 149 *C. burnetii* negative animals, a new pregnancy after abortion occurred and ended with calving in 62 cows (53 living offspring). No significant differences were found in the evaluated reproductive indicators after abortion, comparing *C. burnetii* positive and negative animals. When we compared the further reproduction and productivity indicators for all 297 aborting animals against the herd's average indicators for the relevant year, we observed that animals that had aborted and continued the same lactation had more open days. Similarly, cows that started a new lactation after abortion exhibited lower milk yield, lower milk fat and protein content, and lower somatic cell count in standard lactation compared to the herd's average indicators.

CONCLUSIONS

1. According to herd monitoring indicators, Q fever occurs throughout the country in large herds with over 187 milking cows. In contrast, this indicator averages 37 cows in unaffected herds. Also, the milk yield, fat, protein, and lactose were significantly higher in herds affected by Q fever, indicating this disease's occurrence in high-yielding herds, with an average milk yield above 7900 kg per year. Herds unaffected by Q fever were characterized by significantly better fertilization rates - a lower number of artificial inseminations per pregnancy (1.76 ± 0.06 times in unaffected and 2.10 ± 0.05 times in affected herds).
2. Other risk factors, excepting a high number of animals and high local density of cattle, were other farming practices such as tie-stall barns, a separated calving area, artificial ventilation, hoof trimming, and an openness of the farm to visitors, as possible risk factors contributing to the spread of Q fever. On the other hand, pastures and an associated tick presence on dairy cows did not increase the risk of Q fever.
3. We found a higher incidence of health disorders related to reproduction (both in calving rates and postpartum diseases) in several indicators in herds affected by Q fever, thus gaining insight into the fact that Q fever can impair reproduction at the herd level.
4. We found that if no measures were taken to limit the spread of the disease (e.g., culling of sick animals), Q fever continued to spread within the herd. After 7-13 months from the initial examination, 10 (8.70%) new cases of infection were detected, and 7 of them were pregnant heifers that had initially been seronegative.
5. *Coxiella burnetii* phase I antigen-specific and common immune responses were found significantly more often in animals with reproductive problems in anamnesis, indicating a possible association of Q fever with previous multiple inseminations, prolonged estrus cycles, abortions, and stillbirths. However, the interpretation of the results and conclusions were complicated because 25 (17.86%) animals had died or were excluded from the herd before the re-examination. However, when judged from another aspect, the herds where this culling of animals had taken place, during repeated examination, had a lower incidence of new cases of infection, indicating that eliminating sick animals can be an effective measure to limit the spread of the disease.
6. When evaluating the post-abortion reproductive performance and productivity of animals which had aborted, we did not find any significant differences between the groups of *C. burnetii* positive and negative aborting animals. However, when evaluating the future potential of the aborting animals in the herd as a whole, we found several economic disadvantages of

abortions: a high rate of elimination of the animals, both immediately after the abortion and after unsuccessful artificial insemination, and significantly lower milk productivity in all groups of animals that started a new lactation with the abortion.

PRACTICAL RECOMMENDATIONS

1. In free-stall barn herds, where calving takes place in a separate calving area, interaction between cows should be prevented by creating individual calving areas.
2. A distinct calving area which separates pregnant heifers from older cows should be provided.
3. Taking into account that it is standard practice that all abortions in dairy herds are not reported, and in cases of abortions, samples are not always submitted to a laboratory to find out the cause, we recommend supplementing examinations for Q fever in cases of abortions with regular monitoring (e.g., via bulk tank milk samples).
4. We recommend encouraging owners of dairy herds to identify the Q fever status in their herds in order to develop an action plan for controlling the disease if reproductive problems are observed.