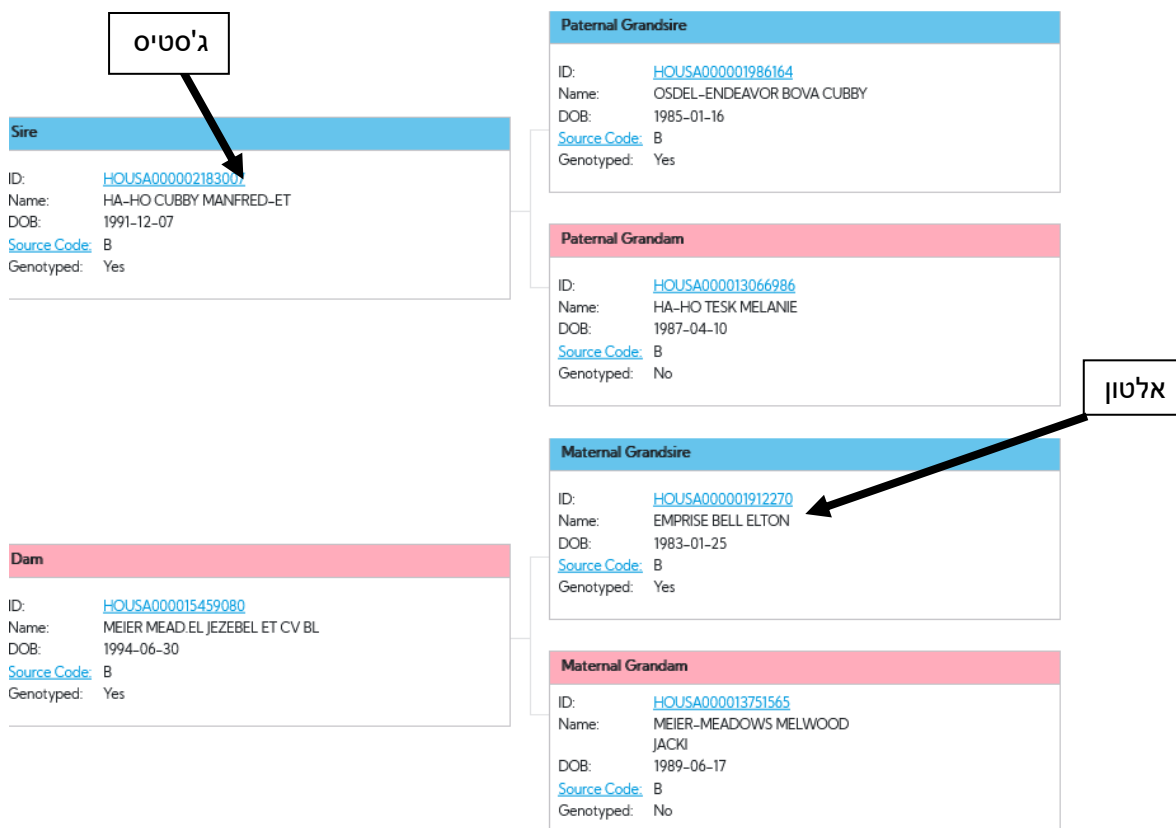


23.12.2022

שלום לכולם,

**מחלה חדשה** - לאחרונה, יולי 2022, פרסם ארגון ההולשטיין הצרפתי, Prim'Holstein, מחלה חדשה בשם **BLIRD**. שם המחלה הן ראשי תיבות של **Bovine Lymphocyte Intestinal Retention Defect**. זו מחלה גנטית שמוצאה במוטציה שהחלה בפר Elton שגורמת לפגיעה חיסונית, ומחלת מעיים. נכדו של **אלטון** הוא הפר **ג'סטיס** הידוע, שקרוב לוודאי היווה גורם לתפוצת המחלה, בשל השימוש הרב שלו בגזע ההולשטיין העולמי.

איור 1: אילן היוחסין של משפחת ג'סטיס



הפרסום התבסס על מחקרים שנערכו במוסדות מחקר צרפתיים שבניהם המוסד **INRA**. במחקרים אלו נמצאה ירידה של 27% בקצב הגידול של הפרטים החולים וכן עלייה של 10% בתמותת הפרטים הצעירים החולים לעומת הבריאים. בעקבות המחקרים, הממצאים והפרסומים הללו, דן ארגון ההולשטיין העולמי (**WHFF** World Holstein Friesian Federation), באפיוני המחלה ובדרך סימונה בפרים. המלצתו לסמן את הנשאות למחלה בפרים בצמד האותיות **LR**. בנוסף, העביר את המשך הדיונים לתת וועדה של הארגון, שתפרסם את דרכי ההתמודדות למחלה זו.

ארגון ה-**WHFF** עדיין לא יצא בנייר עמדה מסודר. להלן העתק נייר העמדה המקורי של הארגון, באנגלית (באדיבות אפרים עזרא, ספר העדר)

Dear All,

I hope you are all well.

Prim Holstein has recently identified a new genetic variant BLIRD, which is associated with reduced fitness and health. This new variant was discussed at the last WHFF Council meeting and the decision has been made to assign the WHFF code of 'LR' to BLIRD. Please be aware that if you identify this variant in your population, WHFF recommend that you use LR as the code name.

The WHFF Monogenetic and Registration Working Group will be discussing this new trait at their next meetings.

I have attached the press release from Prim Holstein.

Best wishes Suzanne

Suzanne Harding  
Secretary General WHFF

ומה אצלנו?

מחלה גנטית היא מחלה העוברת בהורשה ומכאן שההתמודדות למיגורה מהאוכלוסייה "פשוט וארוך". מחלות אלו הן רצסיביות (האלל שלהן הוא נשלט) ומופיעות באוכלוסייה בצורה הבאה:

A – ללא המחלה, שולט  
a – עם המחלה, נשלט

פיזורה באוכלוסייה:

אללים	תרומת האם (אלל אחד בלבד)		
	A (שולט)	a (נשלט)	
תרומת האב (אלל אחד בלבד)	A (שולט)	AA	Aa
	a (נשלט)	aA	aa
הפרט הנולד (שני האללים יחד)			

ביאורים:

- הומוזיגוט דומיננטי (שולט) – חופשי ממופע המחלה, וללא נשאות של המחלה. בהורשה לדור הבא יועבר רק **A**
- **Aa** או **aA** – הטרוזיגוט, רק נשאות למחלה. ההורשה לדור הבא היא **A** או **a**. מחלת ה- **BLIRD** לא מתבטאת בהטרוזיגוט
- **aa** – הומוזיגוט רצסיבי (נשלט) – המחלה מגיעה לידי ביטוי ומועברת בהורשה לדור הבא תמיד ב- **a**

איך ממגרים את המחלה?

כיוון שהמחלה לא מדבקת מפרט אחד לשני, אלא רק עוברת בהורשה, הטיפול בה היא בצורה מערכתית. דוגמא טובה לכך היא מחלה גנטית אחרת, ה-**CVM**, שהמופע שלה באוכלוסייה שלנו, הולכת ופוחתת.

ואיך זאת?

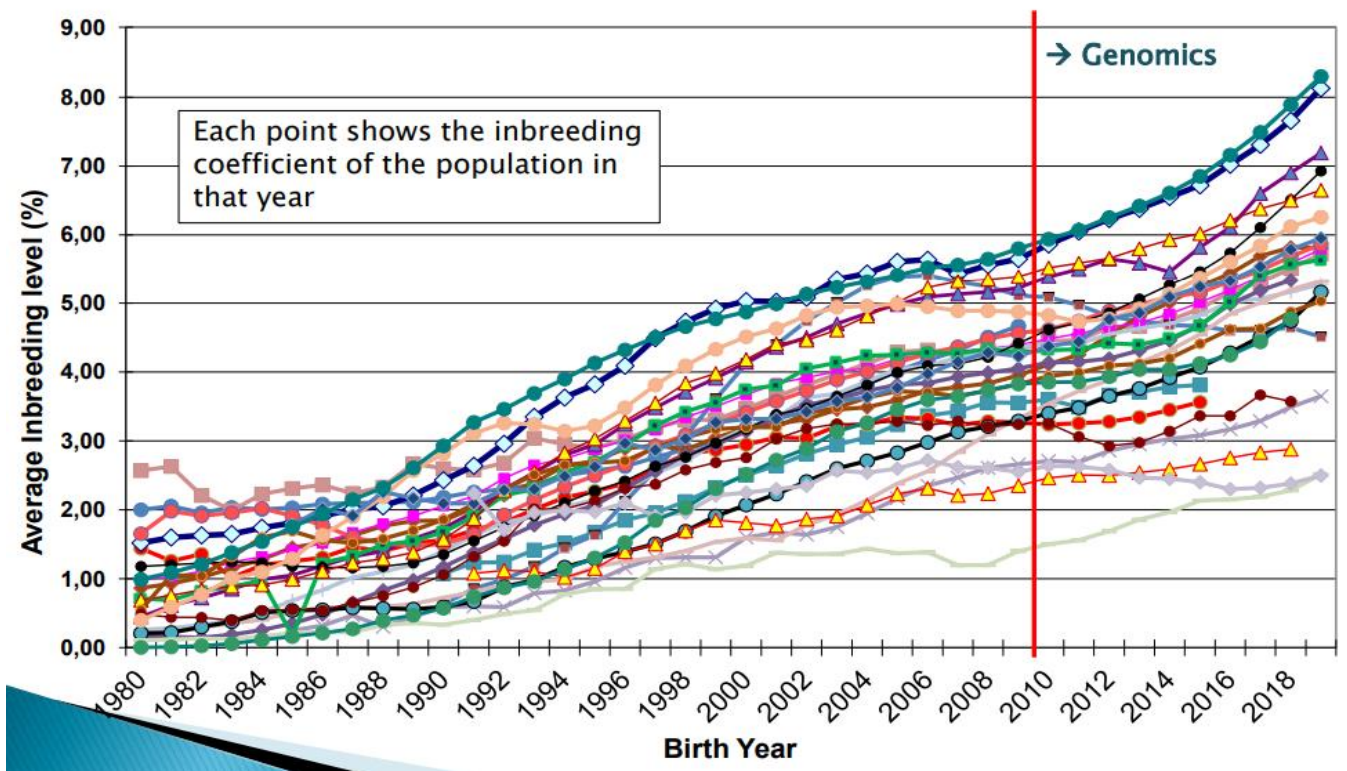
ספר העדר סימן את כל הפרות, שהסיכוי שלהן לקבל את האלל הרציסיבי של ה-**CVM** (בעקבות ידע על אילן היוחסין שלהן והקשר שלהן לפרים שהפיצו את המחלה) כחשודות, באותיות **CV**. תכנת השידוך מנעה את השידוך של פרים שכבר נמצאו וסומנו במערכת כנשאים ל-**CV** עם פרות החשודות כנשאות ל-**CV**. במקביל, שיאון בדקה כל עגל הנכנס למערכת, לנשאות של **CVM**, ומנעה את כניסתו, במידה ונמצא חיובי. בכך, המערכת מנעה את התפשטות המחלה, ובמהלך ארוך טווח היא גם תעלם.

איך מתגלות המחלות הללו ומה הסיכוי שלהן להתפשט בצורה נרחבת יותר?

נחזור לפרסומי הארגון הבינ לאומי, ה-**WHFF**.

הארגון מפרסם אזהרות הולכות ונשנות על העלייה ב-Inbreeding העולמי, ובמיוחד לאחר כניסת הג'נומיק למערכות הטיפול העולמיות. להלן איור וטבלה המשקפים את המגמות וההופעות של % ה-Inbreeding בכל מדינה ומדינה הקשורה לארגון.

איור 2: % ה-Inbreeding באוכלוסיות ההולשטיי העולמית. 26 מדינות שונות



(Egbert Feddersen, WHFF, 2020)

ישנן מדינות שאחוז העלייה השנתי של % ה-Inbreeding שלהן מגיע כבר ל-0.25 או 0.26 (טבלה 1). כלומר כל 4 שנים, עלייה בכאחוז וכל עשור בכ-2.5%. ישראל, לפי הטבלאות הללו נמצאת בתחתית הטבלה (וטוב שכך) ואף הראתה מגמת ירידה בקצב השנתי בשלושת העשורים האחרונים שנמדדו. לתחושתנו, מגמה זו מתהפכת כעת, ובעשור הקרוב אנו נראה עלייה בקצב % ה-Inbreeding.

טבלה 1: קצב העלייה השנתי של % ה-Inbreeding לפי מדינות שונות

Birth Year	1980 to 1990	1990 to 2000	2000 to 2010	2010 to 2019
ITA	0,02	0,18	0,14	0,26
USA	0,19	0,19	0,11	0,26
CAN	0,09	0,26	0,08	0,25
FIN	0,06	0,09	0,19	0,20
POL	0,02	0,10	0,16	0,20
HUN	0,04	0,15	0,13	0,20
ESP	0,13	0,24	0,13	0,20
CHE	0,10	0,13	0,09	0,19
SLO	0,06	0,12	0,11	0,18
NLD	0,24	0,17	0,03	0,16
FRA	0,10	0,20	0,10	0,16
DEU	0,11	0,16	0,08	0,15
IRL	0,10	0,21	0,06	0,15
GBR	-0,02	0,19	0,12	0,14
AUT	0,00	0,09	0,10	0,14
JPN	0,09	0,26	0,13	0,13
SWE	0,06	0,19	0,13	0,12
LUX	0,13	0,13	0,07	0,12
NZL	0,02	0,09	0,03	0,11
DNK	0,11	0,18	0,12	0,10
EST	0,07	0,10	0,11	0,10
BEL (Wallony)	0,01	0,14	0,03	0,06
ISR		0,08	0,07	0,05
AUS		0,14	0,11	0,04
MEX	0,06	0,17	0,05	0,04
SVK		0,00	0,04	-0,02
CZE		0,35	0,10	-0,06

(Egbert Feddersen, WHFF, 2020)

המקורות הגנטיים הם גלובלים והאיכות הגנטית הגבוהה מצטמצמת למספר קטן יותר של משפחות. טוב מבצע ספר העדר הישראלי, המפתח כל הזמן תכניות בקרה על השליטה והמידע על % ה-Inbreeding בעדר. הגרסה האחרונה של תכנת השידוך תבצע עוד 4 "סיבובי שידוך" מעבר לשידוך הראשוני (עד 3.25%), כאשר בכל סבב הסף יעלה ב- 0.25% ויגיע עד 4.25%, רק אם יהיו עדיין פרות שלא השתדכו בסבבים הקודמים. המטרה, למצוא את הפרים המתאימים לשידוך הפרה/עגלה ב-% Inbreeding נמוך ככל האפשר. תקוות כולנו שגרסה זו תצא לשטח, מהר ככל האפשר.

מחלות גנטיות נשלטות (רצסיביות) יתגלו יותר ויותר, ככל שאחוז ה-Inbreeding יעלה.

**הכותרת הנוכחית: מחלת ה-BLIRD**

הנושא יעלה לדיון בוועדת הטיפול ולאחר שיווצרו הכלים לזיהוי המחלה בעדרים (זיהוי המחלה במעבדות בין לאומיות העוסקות בזיהוי גנטי), נבצע את הסריקה בעגלים/פרים בשיאון ונבצע את הסריקה לפרות "החשודות" לנשאות המחלה לפי אילן היוחסין שלהן. המיגור של המחלה, במידה ויוחלט, יהיה דומה לשיטה הנהוגה עם כל מחלה גנטית חדשה המתגלית בעדר.

שבת שלום ושבוע טוב, יואל