

תפקידן של יונים כנשאים מחלות פוטנציאליים ברפתות משק חלב: קשר בין דפוסי תנועה,

נוכחות גורמי מחלה ומגוון המיקרוביום

סטודנטית מובילה: מירנדה קראפטון¹; **מנחים:** אור שפיגל¹ ואבישי לובלין²; **שותפים:** שי כהני³

¹ בית הספר לזואולוגיה, הפקולטה למדעי החיים, אוניברסיטת תל אביב

² החטיבה למחלות עופות, המכון הווטרינרי, משרד החקלאות ופיתוח הכפר.

³ רפת קיבוץ מעלה החמישה

השכיחות הגוברת של מחלות זואוונטיות והמגמה העולמית הגוברת של הכרה במערכת "בריאות אחת" (OneHealth) מדגישות את החשיבות של קישור התנהגויות של נשאים עם ההשפעה על הפתוגנים שהם נושאים. יונת הבית (*Columba livia domestica*) הינה מין מלווה אדם הנפוץ מאד ביישובים ובשטחים חקלאיים ברחבי העולם. יונים הינן וקטור (נשא) ידוע של פתוגנים שונים (כגון קמפילובקטר, סלמונלה וכו') הקשורים לאדם, לעופות ולחיות משק. עם זאת, למרות הרלוונטיות שלהן למחלות זואוונטיות, מעט ידוע על התנועה והמיקרוביום שלהן, וכן על שכיחות הפתוגנים השונים. מכיוון שתנועת בעלי חיים יכולה מצד אחד להשפיע על התפשטות הפתוגנים (למשל להכתיב את טווח וקצב המגע וההעברה) ומצד שני להיות מושפעת מעומס הפתוגנים (למשל בתסמיני מחלה הגורמים לירידה בתנועה), האקולוגיה של מחלות ותנועת המארח (כגון יונים) קשורות מטבען. הבנת מאפייני המשוב בין התנהגות המארח לבין חיידקים שלהם (בין אם מכחוליי מחלה או ניטרלים) יכולה להקל על חיזוי התפרצויות של מחלות חיות בר, והזליגה שלהן לחיות משק ולבני אדם. למשוב חשיבות במיוחד עבור יונים שנמצאות בסמיכות לבני אדם ולבקר במשקי חלב.

במחקר זה אנו שואפים לעקוב אחר תנועת יונים המתבססות על רפתות כמשאב עיקרי, למדוד את מגוון המיקרוביום שלהן ולנטר שכיחות פתוגנים. כמו כן אנו חוקרים את התלות בין גורמים אלו העשויה להשפיע על הדינמיקה של התפשטות פתוגנים פוטנציאליים. במהלך שלוש השנים האחרונות לכדנו 328 יונים בשלוש רפתות במרכז הארץ (מעלה החמישה, מבוא חורון ומקווה-ישראל), אספנו מכל אחת דגימות פתוגנים 44 אף משדרנו עם משדרי GPS לניטור תנועתן. באמצעות שילוב של ריצוף NextGeneration (בביצוע חברת Anicon וניתוח ביואינפורמטיקה של חברת Base2Bio) וזיהוי חיידקים על ידי rtPCR הערכנו את הרכב המיקרוביום ונוכחות פתוגנים נבחרים. באמצעות שילוב נתונים אלו ניסינו לענות על שאלות לגבי תפקידן של היונים כווקטור מחלות (זאונוטי, חקלאי וחיות בר), ולאפיין כיצד דגמי התנועה (הן ברמת האוכלוסייה והן ברמת הפרט) משפיעים על הפרופיל המיקרוביאלי של היונים והפוטנציאל להפיץ פתוגנים.

מצאנו שאוכלוסיות יונים בבאתרי המחקר נושאות מגוון פתוגנים רלוונטיים לעופות, בקר ואדם, כאשר חלקם - כמו קמפילובקטר ונגיף מחלת ניוקאסל - נמצאו בשכיחות גבוהה יחסית. בניגוד לציפיות שלנו, לא זוהתה נוכחות סלמונלה על ידי מעקב אחר דפוסי התנועה היומיומיים של יונים, מצאנו שפרטים לנים ביישובי אדם כמעט בכל המקרים (ובכך מדגישים את הסיכון להדבקה זואוונטית), ומבקרים בקביעות ברפתות ובאתרים חקלאיים שונים אחרים. יונים באתר

העירוני ביותר (מקווה ישראל) נעו מרחקים קצרים יותר בהשוואה לשני האתרים האחרים ונשאו מגוון גדול יותר של חיידקים. פרטים נבדלו זה מזה גם בדפוסי התנועה שלהם ביחס לפרטים אחרים באותו האתר, ומצאנו קשר חיובי בין הנטייה לאקספלורציה (כלומר, מספר העצירות שביצע הפרט במקומות נפרדים המהווה מדד לדיגום הסביבה על ידו) לבין מגוון החיידקים המיקרוביומיים. הממצאים מראים שמגוון המיקרוביוטה שונה בין מקומות לכידה, וכן בין פרטים, כשמגוון האלפא מושפע גם מנטיית האקספלורציה של הפרט - יונים שעושות יותר עצירות יומיות (אקספלורטוריות) הן בעלות מגוון גבוה יותר של חיידקים במיקרוביום שלהן.

מתוצאות אלו ניתן להסיק שיונים מהוות קישור ישיר בין בתי גידול חקלאיים וישובי אדם, ועלולות לשמש כווקטור העברת מחלות בין חיות בר, חיות משק ובני אדם. בהתחשב במספרן הגדול (להקות של מאות ואלפים), קרבתן הגבוהה הן לבהמות והן לבני אדם, והמגוון של פתוגנים ידועים שזוהו אצלן, אין לקחת סיכונים אלו בקלות ראש. מעקבנלווה במבוא חורון גם הראה שלמאמץ ויסות ע"י ציד שדרתי אין כמעט השפעה על התנהגותן של היונים שלא נפגעו ישירות, ממצא שמצביע על היעילות הנמוכה של התערבות זו במניעת אינטראקציות אלו. יתר על כן, השונות המשותפת המשמעותית של תנועת הפרט והמגוון מיקרוביאלי שלו מרמזת על כך שהמשוב בין תנועת המארח לעומס הפתוגנים יכול לשפוך אור על דינמיקת העברת מחלות, ולהדגיש את הרלוונטיות של ניתוחי תנועת חיות בר לאקולוגיה של המחלה ולגישת One Health. אנו ממליצים לקיים מאמץ ניטור קבוע והמשכי של המצאות מחלות באוכלוסיות יוני בר.

מאמרים שהוגשו על בסיס מחקר זה (ינואר 2024 - עדיין לא פורסמו בעיתונות המדעית):

1. Crafton M, Cahani S, Lublin A, Rauer L, Spiegel O. Association between movement patterns, microbiome diversity, and potential pathogen presence in free-ranging feral pigeons foraging in dairy farms. bioRxiv. 2023;

Available from: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.10.11.561861v1>

2. Lazebnik T, Spiegel O. Individual Variation Affects Outbreak Magnitude and Predictability in an Extended Multi-Pathogen SIR Model of Pigeons Visiting Dairy Farms. arXiv. 2023; 1–22.

Available from: <http://arxiv.org/abs/2310.08613>