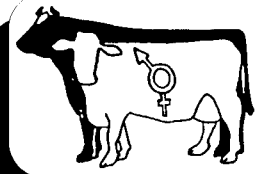


טיפוח • פוריות



סיכום סריקת הגנום של בקר לחלב בישראל

מ. רוך, א. פלדמסר, מ. גוליק, א. תגר-כהן, ד. קליגה, ו. ריס, ר. דומוחובסקי, א. סרוסי, א. עזרא* רי. ולר המחלקה לגנטיקה, המכון לבעלי חיים, מינהל המחקר החקלאי *התאחדות מגדלי בקר

מבוא

פרויקט איתור הגנים החל לפני כחמש שנים בעקבות ההערכה שהטיפוח הקלאסי של אוכלוסיית בקר לחלב בארץ לא יעמוד בתחרות לאורך זמן לעומת אוכלוסיות טיפוח גדולות בעולם. איתור גנים יאפשר התקדמות גנטית מהירה ונמישה בהתאם למטרות הטיפוח המשתנות. המפה הצפופה של סמנים גנטיים על כל הכרומוזומים של בקר מאפשרת כיום חיפוש גנים שיטתי בכל הגנום. השיטה המקובלת לסריקת גנים של בקר בעולם היא של "בתי-סב", שבה אנליזה של הסמנים מבוצעת לקבוצות של מאות פרים בני אב משותף כשהאנליזה הסטטיסטית מבוססת על נתוני הנכדות. באוכלוסיית הבקר בארץ, שבה נבחים רק 50 פרים בשנה, לא ניתן להשתמש במבנה של "בתי-סב". לעומת זאת, ניתן לחפש גנים במבנה משפחתי של הצאיר-אחיות, או "בתי-אב". במבנה זה מחלקים את בנות הפר לשתי קבוצות, השונות באלל של הסמן הגנטי, ובוחנים האם קיים הבדל מובהק בין הקבוצות בתכונות הכלכליות. הבדל בתכונה כלכלית מהווה ראייה לגן מתפצל. לכל סמן גנטי ניתן לבצע מבחן לקיום גן כמותי מתפצל רק במשפחות בהן הפר הוא הטרוזיגוט לסמן הגנטי. אנליזה פרטנית של סמנים גנטיים לכל הפרטים בניסוי מאפשרת לאתר גנים לכל התכונות הכלכליות הנרשמות לפרות, ולבצע מיפוי עדין של הגנים על ידי בדיקת סמנים נוספים באזורים הכרומוזומליים המתאימים. מטרת הפרויקט היתה לאתר גנים מתפצלים באוכלוסיית הבקר בארץ ולשלב את המידע הגני בתכנית ההשבחה.

חומרים ושיטות

החלק הראשון של הפרויקט היה איסוף דם שיטתי מאלפי פרות המפוזרות במאות משקים, הפקת דנ"א וקביעת התנאים לאנליזה בריזומנית של מספר רב של סמנים גנטיים מסוג מיקרוסטליטים. בחלק השני של הפרויקט נקבעו גוטיפים ל-5949 פרות, בנות 11 פרים, עבור 73 סמנים גנטיים מיקרוסטליטים. נבדקו 1 עד 5 סמנים לכל אחד מ-29 הכרומוזומים של בקר. המרחק המירבי בין סמנים היה 53 יחידות מפה גנטיות ("מ), והמרחק המירבי בין סמן וקצה הכרומוזום היה 50 י"מ. כדי לאפשר אנליזה של אלפי דוגמאות דנ"א ומאות אלפי גוטיפים של סמנים, ביססנו את השיטות במעבדה על שימוש ברובוטיקה ואנליזה יעילה ממוחשבת של מספר רב של סמנים גנטיים. 73 המיקרוסטליטים נבדקו בשש מערכות, בהן הורצו מ-10 ועד 15 סמנים בריזומנית. על ידי השוואת הגוטיפים של הבנות והאבות, על פי הרישום בספר-העדר, קבענו ש-688 פרות (11.6%) לא היו בנות הפר הרשום. פרות אלה נגרעו מהאנליזה של חיפוש גנים. לעוד 40 פרות לא היו אומדני תורשה לתכונות תנובת חלב. לכן, קובץ הנתונים לאיתור גנים כלל רשומות על 5221 פרות. מספר הפרות בניתוח לפי בתי אב מופיע בטבלה 1. מספרי הפרות והגוטיפים שנקבעו עבור כל מערכות הסמנים מופיעים בטבלה 2. בממוצע נבדקו 3010 פרות עבור כל מערכת סמנים, וסה"כ היו 163,733 גוטיפים תקינים מתוך 219,685 גוטיפים אפשריים. לכן, יעילות קביעת גוטיפים היתה 75%.

בדקנו השפעות הסמנים על תשע תכונות

טבלה 3. התפלגות ההשפעות המובהקות לפי תכונות.

מספר השפעות מובהקות	התכונות
14	חלב, ק"ג
9	שומן, ק"ג
6	חלבון, ק"ג
14	שומן, %
11	חלבון, %
8	סת"ס
8	הישרדות
4	פוריות
10	PD00
84	סה"כ

משמעות. מתוך 657 מבחנים צפוי שבמקרה יהיו כ-33 תוצאות מובהקות ברמה של 5%. אולם, בפועל התקבלו 84 השפעות מובהקות ברמה זאת. לכן, ניתן להסיק שכ-60% מההשפעות "המובהקות" אכן מתייחסות להשפעות אמיתיות. היות ונבדקו 73 סמנים, עבור כל תכונה, צפויה הופעה מקרית של שלוש עד ארבע השפעות מובהקות ברמה של 5%. לפוריות נקבית נמצאו רק ארבע השפעות מובהקות ברמה של 5%, ולכולן היתה מובהקות נמוכה יחסית. לכן ניתן להסיק שלא נמצאו השפעות אמיתיות לתכונה זאת. לעומת זאת, המספר הגבוה ביותר של השפעות היה לתכונות ק"ג חלב ואחוז שומן. כמו כן, נמצאו עשר השפעות מובהקות עבור PD00, וניתן להסיק שמתוכן כשש השפעות הן אכן אמיתיות. ניתן לבחון איזה השפעה אמיתית ואיזו נתקבלה באקראי על ידי אנליזה של קבוצת פרות נוספת בלתי-תלויה. אם התוצאה חוזרת על עצמה ההשפעה היא כנראה אמיתית. לאחר מכן, ניתן לבצע מיפוי עדין של הגן, או הגנים, באמצעות מספר סמנים גנטיים המפוזרים באזור הכרומוזומלי המתאים.

ההשפעות המובהקות לפי כרומוזום מופיעות בצירים 1, 2, ו-3 עבור כל התכונות הכלכליות, פרט לפוריות נקבית. ציר המובהקות הוא אחד חלקי ההסתברות ממבחן F. היו השפעות מובהקות על כל הכרומוזומים, פרט לכרומוזומים 1, 17, ו-23. ההשפעות

כלכליות; ק"ג חלב, ק"ג שומן, ק"ג חלבון, אחוז שומן, אחוז חלבון, ספירת תאים סומטיים (סת"ס), הישרדות, פוריות נקבית, ואינדקס הטיפוח הישראלי (PD00). השפעת כל סמן על כל אחת מהתכונות נבדקה על ידי ניתוח שונות של אומדני התורשה של הפרות, לפי מודל שכלל את השפעת האב והשפעת האלל האבהי מקוננת בתוך בית-אב. עבור כל סמן נכללו בניתוח רק בנות של האבות שהיו הטרוזיגוטים לסמן הגנטי, ומהן רק פרות שניתן היה לקבוע את האלל של הסמן שהבת קיבלה מהאב.

טבלה 1. מספר פרות עם אומדני תורשה וגנוטיפים לפי בתי-אב.

מספר בנות	הפר
682	מפי
419	גנדי
515	פלור
693	בוטח
509	פצפון
240	גולית
502	סיר
422	סינבד
595	טבע
334	שנף
310	סקורר
5221	סה"כ

טבלה 2. מספרי הפרות והגנוטיפים שנקבעו לפי מערכות הסימנים.

מספר פרות למערכת	סמנים	פרות	סמנים	גנוטיפים תקינים
1	15	2629	39,435	31,555
2	10	2487	24,870	22,222
3	11	3317	36,487	28,577
4	14	3229	45,206	27,531
5	12	3287	39,444	31,055
6	11	3113	34,243	22,793
סה"כ	73	3010	219,685	163,733

תוצאות סריקת הגנום

היו 657 מבחנים סטטיסטיים (9 תכונות x 73 סמנים). התפלגות ההשפעות המובהקות ברמה של 5% לפי תכונות מופיעה בטבלה 3. עקב המספר העצום של המבחנים, רמות מובהקות "דגילות" של 5% או 1% הן חסרות

והישרדות ונמצא קרוב למקום 50 י"מ. בכרומוזום 27 נמצאו השפעות מובהקות על אינדקס הטיפוח בבנות טבע וסיר. בציר 7 מוצגות תוצאות המיפוי לפי מקטעים של בנות טבע בכרומוזום 27. נמצא גן אחד קרוב למקום 40 י"מ שמשפיע על תנובת חלב, שומן, חלבון, ואינדקס הטיפוח, ואולי גן שני הקרוב למקום 15 י"מ שמשפיע על הישרדות.

איתור ואיפיון הגן המשפיע על ריכוז השומן בחלב בכרומוזום 14

סמן CSSM66, במרחק של 13 י"מ מהצנטרומר בכרומוזום 14, הראה השפעה חזקה על ק"ג חלב, ק"ג שומן, אחוז שומן ואחוז חלבון בבנות הפר גנדי. השפעות דומות נמצאו גם באוכלוסיות ארה"ב, הולנד, וגרמניה לפי ניתוח של "בתי-סב". מיפוי עדין הראה שהסמן ILSTS039, הקרוב מאד לצנטרומר, נמצא בתאחיזה חזקה יותר לאותן תכונות. מובהקות ההשפעה עבור אחוז שומן בבנות גנדי היתה 10^{-13} . בנוסף לפי גנדי נמצאה השפעה דומה של סמן זה גם בבנות הפר טבע. בשני פרים אלה, האלל באורך 225 זוגות בסיסים (אלל 225) של הסמן ILSTS039 היה קשור לעליה של 0.15% שומן בחלב. כמו כן, אלל 225 קשור לירידה בק"ג חלב, עליה בק"ג שומן, ועליה באחוז חלבון. גם באוכלוסיית ארה"ב נמצא שהאלל 225 היה קשור לעליה באחוז שומן.

בוצעה סריקה של 1911 פרות, בנות עשרה פרים, לגנוטיפ של סמן ILSTS039 על מנת לבדוק את השפעת האלל 225 באוכלוסיה. נמצא שבפרות אשר ירשו את האלל 225 היתה עליה דומה באחוז שומן, ללא קשר משפחתי ביניהן. ב-21 פרות הומוזיגוטיות לאלל 225, נמצאה השפעה כפולה על ק"ג חלב ואחוז שומן וחלבון. השפעת האלל 225 נבדקה גם במדגם של 407 פרים ישראלים עם מבחנים גנטיים. היו 12 פרים הומוזיגוטים לאלל 225, ו-113 פרים הטרוזיגוטים לאלל 225. מנה אחת של האלל 225 גרמה לעליה של 0.15% שומן, לעומת ממוצע אומדני ההורשה של הפרים

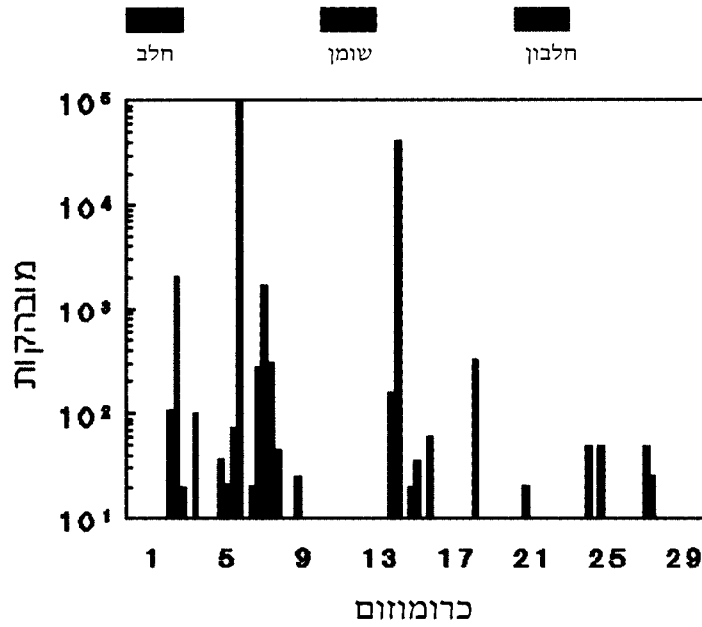
החזקות ביותר היו על אחוז שומן וחלבון בכרומוזומים 6 ו-14. לרוב הסמנים עם השפעה מובהקת על אחוז חלבון היתה גם השפעה על אחוז השומן. ההשפעות החזקות על PD00 היו בכרומוזומים 2, 3, 6, 7 ו-7. ההשפעות החזקות ביותר על חלבון היו בכרומוזומים 2 ו-7.

בכרומוזומים 2, 6, 7, 14, ו-27 נקבעו גנוטיפים לסמנים נוספים, במשפחות עם השפעות מובהקות, וביצענו "מיפוי לפי מקטעים" (Interval mapping) אשר מאפיין את מיקום הגן ואת השפעתו על התכונות הכמותיות. בכל הכרומוזומים של הבקר, הצנטרומר נמצא בקצה אחד של הכרומוזום, ומקום זה נקבע כמקום אפס על המפה. תוצאות המיפוי לפי מקטעים על כרומוזום 6 התפרסמו בכתב-עת *Genetics* וכן במשק הבקר והחלב (רון וחוב' 2001, 2001a). נמצאו 3 גנים המשפיעים על תכונות ייצור חלב. הפרים מפי וגולית היו הטרוזיגוטים לגן העיקרי שמשפיע על אחוז חלבון, ונמצא במרכז הכרומוזום. הפר מפי היה הטרוזיגוט לגן נוסף באזור הצנטרומר שמשפיע על ק"ג חלב שומן וחלבון. הפר בוטח היה הטרוזיגוט לגן שלישי הממוקם בקצה הכרומוזום ומשפיע בעיקר על ייצור חלב ואחוז שומן.

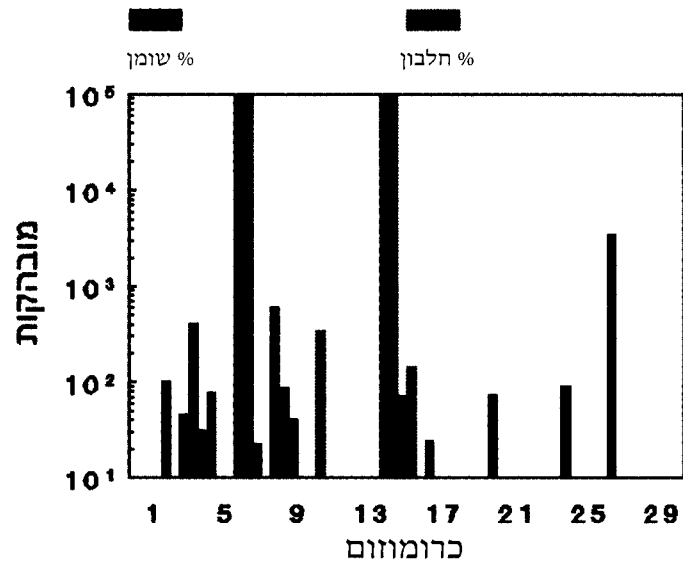
בקצה של כרומוזום 2 אותר גן מתפצל במשפחות שלושה פרים: גנדי, בוטח, וסינבד. גן זה כנראה משפיע על כל תכונות תנובת חלב וכן על אינדקס הטיפוח. בינתיים נקבעו גנוטיפים לסמנים נוספים רק עבור בנות בוטח. תוצאות המיפוי לפי מקטעים מופיעות בציר 4. מיקום הגן קרוב למקום 110 י"מ. ההשפעה החזקה ביותר היתה על ק"ג חלב, אך היתה השפעה ניכרת גם על אינדקס הטיפוח.

גם הגן המתפצל בכרומוזום 7 אותר בשלושה פרים: פלור, בוטח, וסינבד. הגן משפיע על תנובת חלב, שומן, חלבון ואינדקס הטיפוח. נקבעו גנוטיפים לסמנים נוספים עבור בנות פלור. תוצאות המיפוי לפי מקטעים מופיעים בציר 5 ו-6. כנראה בנוסף לגן המשפיע על תכונות תנובת חלב, הנמצא קרוב למקום 25 י"מ, יש גן שני מתפצל המשפיע על סת"ס

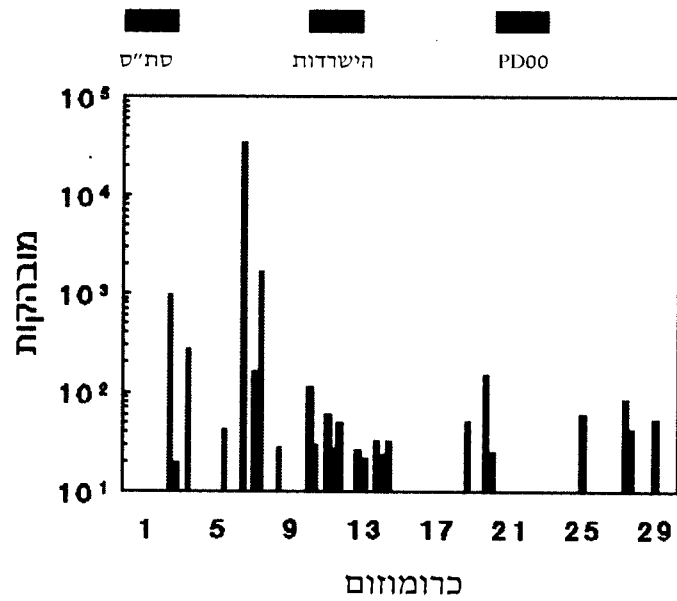
ציור 1. ההשפעות המובהקות על חלב, שומן וחלבון לפי כרומוזום.



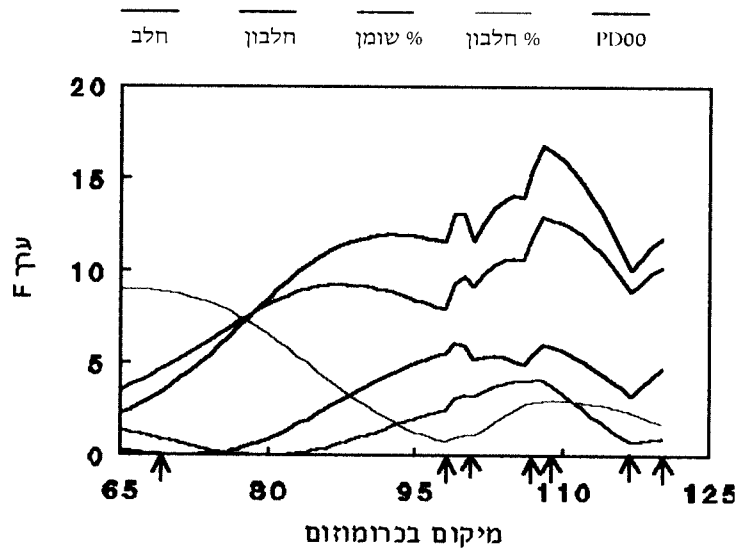
ציור 2. ההשפעות המובהקות על ריכוז שומן וחלבון לפי כרומוזום.



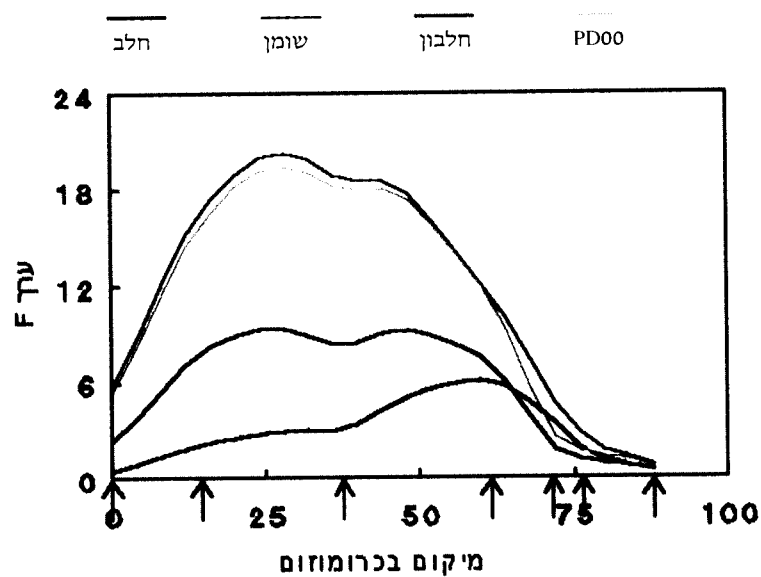
ציור 3. ההשפעות המובהקות על PD00, הישרדות, וסת"ס לפי כרומוזום.



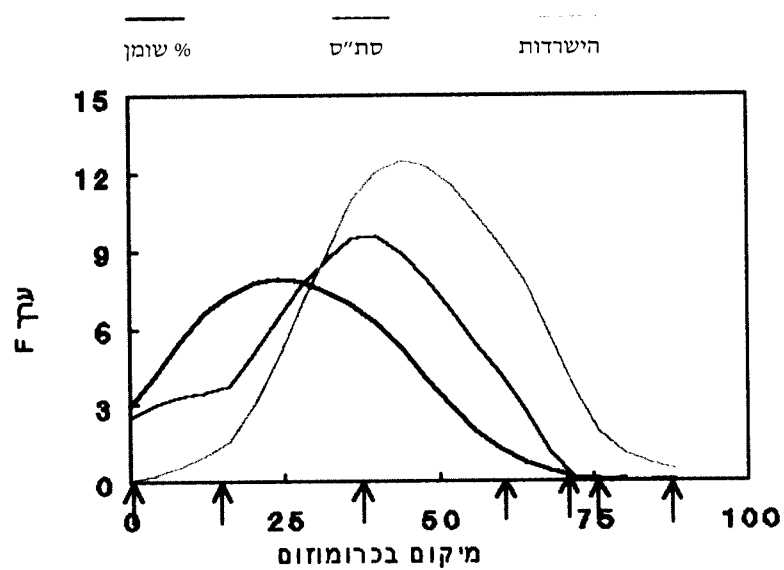
ציור 4. מיפוי לפי מקטעים של בנות בוטח בכרומוזום 2. מיקום הסמנים מסומן בחיצים.



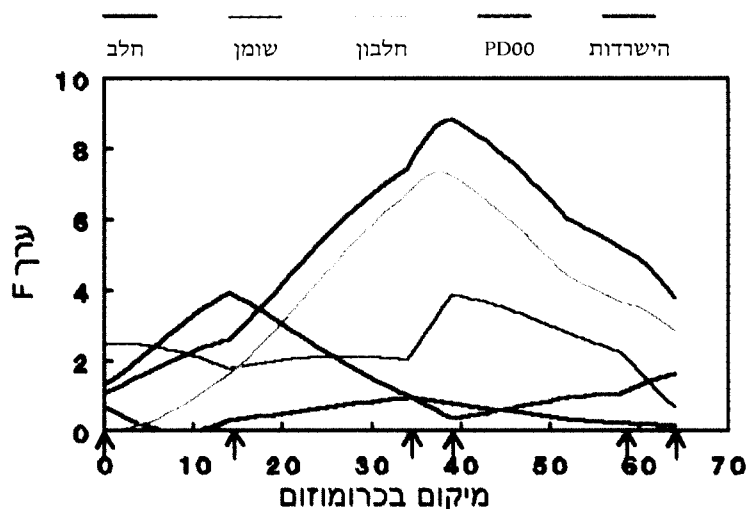
ציור 5. מיפוי לפי מקטעים של תכונות יכול חלב בבנות פלור בכרומוזום 7. מיקום הסמנים מסומן בחיצים.



ציור 6. מיפוי לפי מקטעים של תכונות משניות בבנות פלור בכרומוזום 7. מיקום הסמנים מסומן בחיצים.



ציור 7. מיפוי לפי מקטעים של בנות טבע בכרומוזום 27. מיקום הסמנים מסומן בחיצים.



האמינית 232 בגן. החלפה זאת מביאה לשינוי החומצה האמינית אלנין לליוין, והיא אחראית כנראה לעליה באחוז השומן בחלב. נבדקו 411 פרים עבור הפולימורפיזם הזה, ונמצאה תאחיזה הדוקה בין הפולימורפיזם וההשפעות על תכונות תנובת חלב ושומן. היו 91 פרים הטרוזיגוטים לאלל הנדיר של *DGAT*, 11 פרים הומוזיגוטים לאלל הנדיר ויתרת הפרים הומוזיגוטים לאלל השכיח. בטבלה 4 מופיעים 10 הפרים הגבוהים ביותר עבור אינדקס הטיפוח שהיה להם לפחות עותק יחיד של האלל הנדיר של הגן *DGAT*. בין פרים אלה רק הפר רבן חזר לשימוש נרחב. כל הפרים האלה היו חיוביים לאחוז שומן וחלבון, ורובם היו שליליים לתנובת חלב.

דיון

הסתיים פרויקט חד-פעמי של איתור גנים במאמץ מירבי של המחלקה לגנטיקה, תוך שיתוף פעולה עם המגדלים ובמימון התאחדות מגדלי-בקר ומועצת החלב. סומנו אזורים ב-26

שלא נשאו אלל 225, ושתי מנות של האלל גרמו להשפעה כפולה. ממצאים אלה מעידים על כך, שהמקור של אלל 225 של סמן ILSTS039 והאלל של הגן הכמותי, המעלה אחוז שומן, הוא מקטע כרומוזומלי של פר יחיד אשר חדר לאוכלוסיה הישראלית לפני כמה דורות. תאחיזה הדוקה זאת בין הגן הכמותי לסמן מאפשרת ניתוח על בסיס אוכלוסיה ולא רק על בסיס משפחתי.

כדי לזהות את הגן המשפיע על אחוז שומן, נעשתה השוואה בין גנום עכבר, אדם ובקר ונמצא שבכרומוזום 15 בעכבר, ההומולוגי לכרומוזום 14 בבקר, ממוקם הגן *DGAT*, המעורב במטבוליזם של שומן וייצור חלב בעכברות. בעזרת הרצף של *DGAT* בעכבר ובאדם אותרו רצפים מתבטאים Expressed Sequence Tags של בקר ונקבע רצף חלקי של הגן. קבלת רצף זה אפשרה תכנון תחלים ל-PCR, בידוד מקטעים פולימורפיים של הגן מפרטים שונים והשוואתם. התגלתה החלפת בסיסים CG בבסיסים AA בקודון של החומצה

טבלה 4. עשרת הפרים הגבוהים ביותר עבור אינדקס הטיפוח הנושאים את האלל הנדיר של הגן DGAT.

PD00	אומדני תורשה		חלב	הישנות	מספר בנות	DGAT אללי	הפר		שם
	% חלבון	% שומן					מספר	אללי	
489	0.38	0.13	-188	92	135	2	3683	דבמג	
362	0.05	0.08	49	92	105	1	3568	סשה	
345	0.12	0.04	118	92	114	2	3570	קייור	
323	0.11	0.06	-58	85	65	2	3711	רגיל	
309	0.30	0.23	-613	79	52	2	5188	מנואל	
301	0.11	0.07	71	88	78	1	3578	דעת	
274	0.01	0.10	-207	94	168	1	3665	נקע	
250	0.14	0.07	-71	90	93	1	3599	הר	
230	0.03	0.05	4	99	1545	1	2359	רבן	
229	0.17	0.12	-256	86	57	1	3372	דרם	

* מספר האללים של האלל הנדיר.

לקבוע באיזה מהן מתפצלים הגנים. כדי לבצע סלקציה ברמת האוכלוסיה לגנים אלה יש גלות בכל אזור כרומוזומלי את הגן שבו מופיעה המוטציה האחרת לתופעה. כדוגמה לכך ניתן להביא את שני הגנים העיקריים שנמצאו בכרומוזומים 6 ו-14. גנים אלה משפיעים על ריכוז החלב, אך הגן בכרומוזום 6 משפיע בעיקר על ריכוז החלבון, והגן בכרומוזום 14 משפיע בעיקר על ריכוז השומן. ההשפעה של החלפת אלל שלילי באלל חיובי, לכל אחד מהגנים, שקולה בערך לסטיית תקן גנטית של התכונה. גנים אלה ניתנים לסלקציה ברמת האוכלוסייה. לאחרונה, בדקנו את רב העתודות באוכלוסייה לגן בכרומוזום 14, והמידע ישולב באומדני התורשה שלהן ושל העגלים שלהם המועמדים להיכנס למבחן צאצאים. המשך המחקר יתרכז באיפיון הגנים האחרים לשאר האזורים הכרומוזומליים, עם השפעות חזקות על אינדקס הטיפוח, ועל שילובם בתכנית ההשבחה.

כתוצר לוואי של פרויקט סריקת הגנום באמצעות סמונים נמצא ש-11.5% מהפרות אינן בנות לפר הרשום בספר-העדר. חקרנו את ההבדלים בשיעור הטעות בין אגודות להזרעה, אזורים גאוגרפיים, משקים, מזריעים ועוד. לפי תוצאות בדיקת פרות צעירות, נתן להסיק שבשנים האחרונות ירד שיעור הטעות בקביעת אבהות ל-8%. לממצאים אלה השלכות

מתוך 29 כרומוזומים הנושאים גנים מתפצלים לתכונות ייצור חלב, הישרדות וסת"ס באוכלוסיית הבקר המקומית. באוכלוסיות בקר בארה"ב ואירופה נמצאו עדויות תומכות על גנים מתפצלים בחלק מהאזורים שנמצאו. ההשפעות המובהקות במחקר הנוכחי בכרומוזומים 2, 7, 26 ו-27 לא נמצאו במחקר אחר. מוזיג וחוב' (2001) ביצעו אנליזה לאיתור גנים לאחוז חלבון, באוכלוסיית הבקר בארץ, באמצעות תערובות חלב של פרות. למרות שנחקרה אותה האוכלוסייה היתה חפיפה חלקית בין הסמונים והמשפחות שנבדקו. הם מצאו השפעות מובהקות על כל הכרומוזומים פרט ל-15, 25 ו-28; ועבור 61 מתוך 138 הסמונים שנבדקו. השפעות מובהקות לאחוז חלבון על כרומוזומים 3, 4, 6, 8, 10 ו-26 במחקר הנוכחי נמצאו גם במחקר שלהם. לעומת זאת, ההשפעות המובהקות מאוד בכרומוזומים 14 ו-15 במחקר הנוכחי לא התגלו על ידם. כיון שהאנליזה היתה לתערובות חלב, ללא בדיקה פרטנית של פרות בודדות, 11.5% מהפרות עם אבהות שגויה היו כלולות באנליזה. בכרומוזומים 2, 7 ו-27 ביצענו אפיון מפורט של הגנים באמצעות מיפוי של מספר רב של סמונים. לפי כך, ניתן לבצע סלקציה תוך-משפחתית באמצעות הסמונים שנמצאו בתאחיזה צמודה לגנים. יחד עם זאת, יש לבדוק את הסמונים האלה במשפחות חדשות כדי

להסיק שכי-60% מההשפעות "המובהקות" אכן מתייחסות להשפעות אמיתיות. היו 14 השפעות מובהקות עבור ק"ג חלב ואחוז שומן, ו-10 השפעות מובהקות עבור PD00. ההשפעות החזקות על PD00 היו בכרומוזומים 2, 3, 6, 7 ו-7. ההשפעות החזקות ביותר על חלבון היו בכרומוזומים 2 ו-7. בכרומוזומים 2, 6, 7, 14, 17 ו-27 קבענו גוטיפים לסמנים נוספים במשפחות עם השפעות מובהקות ובוצע "מיפוי לפי מקטעים" (Interval mapping). מיפוי עדין בכרומוזום 14 הראה שהסמן LSTS039, הקרוב מאד לצנטרומר, נמצא בתאחיה חזקה לתנובת חלב וריכוז שומן וחלבון בבנות הפרים גנדי וטבע. מובהקות ההשפעה עבור אחוז שומן בבנות גנדי היתה 10^{-13} . נמצאה תאחיה הדוקה בין הפולימורפיזם בגן *DGAT*, הנמצא בכרומוזום 14 ומעורב במטבוליזם של שומן, וההשפעות על תכונות יבול חלב ושומן באוכלוסיית הפרים. לפי כך, התחלנו בסלקציה לגן בכרומוזום 14 על ידי אנליזה של פרות עתודות. המשך המחקר יתרכז באיפיון הגנים האחראים לשאר האזורים הכרומוזומליים עם השפעות חזקות על אינדקס הטיפוח ועל שילובם בסלקציה.

הבעת תודה: לסטודנטים שסייעו באיסוף הדם והפקתו ובאנליזה של סמנים גנטיים, ולרפתנים בכל רחבי הארץ שסייעו באיסוף הדם.



חשובות לגבי שיפור הדיוק בתהליך ההזרעה והדיווח. פיתוח נוסף במהלך הפרויקט הוא שימוש במברשות חד-פעמיות לאיסוף תאי נרתיק לאנליזה גנטית. יתרונות השיטה הם הפשטות והעלות הנמוכה של קבלת דוגמאות תאים, ממשקים מרוחקים באמצעות הדואר, ומניעת דקירה של פרות לצורך איסוף דם. בנוסף לכך, אין צורך להפיק דנ"א מהתאים. שיטה זאת אשר יושמה לבדיקת עתודות עשויה להחליף את איסוף דוגמאות הדם מפרות לצורך מיפוי, אימות גנים ויישום בסלקציה.

סיכום

סיימנו את סריקת גנום הבקר הישראלי לגנים המשפיעים על תשע תכונות כלכליות: ק"ג חלב, ק"ג שומן, ק"ג חלבון, אחוז שומן, אחוז חלבון, ספירת תאים סומטיים (סת"ס), פוריות נקבית, הישרדות ואינדקס הטיפוח הישראלי (PD00). במהלך חמש השנים האחרונות נקבעו גוטיפים ל-5949 פרות, בנות 11 פרים, עבור 73 סמנים גנטיים מיקרוסטליטים. המיקרוסטליטים נבדקו בשש מערכות, בהן הורצו מ-10 ועד 15 סמנים ברזמנית. על כל אחד מ-29 הכרומוזומים של בקר היה לפחות סמן אחד. בממוצע נבדקו 3010 פרות עבור כל מערכת סמנים, וסה"כ היו 163,733 גוטיפים תקינים מתוך 219,685 גוטיפים אפשריים. יעילות קביעת גוטיפים היתה 75%. התקבלו 84 השפעות מובהקות ברמה של 5%, וניתן

ספרות

רון, מ., ד. קליגר, א. פלדמסר, א. סרוסי, א. עזרא, וי. ולר (2001) מיפוי גנים לתכונות ייצור על כרומוזום 6 בבקר. משק הבקר והחלב 291; 7-11.

Mosig, M. O., E. Lipkin, G. Khutoreskaya, E. Tchourzyna, M. Soller, A. Friedmann (2001) A whole genome scan for quantitative trait loci affecting milk protein percentage in Israeli-Holstein cattle, by means of selective milk DNA pooling in a daughter design, using an adjusted false discovery rate criterion. *Genetics* 157; 1683-1698.

Ron, M., D. Kliger, E. Feldmesser, E. Seroussi, E. Ezra, and J. I. Weller (2001a) Multiple QTL analysis of bovine chromosome 6 in the Israeli Holstein population by a daughter design. *Genetics* 159; 727-735.