

## ניתוח גנטי של פוריות נקבית בעדר הבקר לחלב הישראלי לפי מודל הפרט הבווד

יהודה ולר – המחלקה לגנטיקה כמותית ומולקולרית, מינהל המחקר החקלאי  
אפרים עזרא – ספר העדר, המו"ב

### מבוא

מבוסס על מודל האב, וחישובו מתאמים גנטיים ופנוטיפיים בין חלב, שומן ופוריות לפי שיטת הנדרסון מספר 3. במאמר זה אנו מביאים את התוצאות הראשוניות של ניתוח גנטי של פוריות נקבית לפי מודל הפרט הבווד. במחקר הנוכחי נביא אומדנים גנטיים לפוריות, תאים סומטיים ותכונות ייצור חלב, שומן וחלבון לפי שיטת הניקאות המירבית (Restricted maximum likelihood), שהיא השיטה המועדפת לאמוד ערכים גנטיים מנתוני שדה. כמו כן, נשווה בין אומדנים גנטיים המחושבים לפי מודל הפרט דו"ח ג'ורג'.

### חומרים ושיטות

עבור פרות שהתעברו, מדד הפוריות היה אחד חלקי מספר הזרעות עד להתעברות. עבור פרות שלא התעברו, המדד היה אחד חלקי התוחלת של מספר הזרעות עד להתעברות. התוחלת של מספר הזרעות עד להתעברות עבור פרות שלא התעברו, חושב מרשומות תקינות של 1,196,686 הזרעות מהראשונה ועד הששית במשך תחלובות אחת עד חמש שהתרחשו בין 1.1.85 ועד 31.8.95. חישובנו את שיעור ההתעברות עבור כל צידוף של מספר הזרעה בתחלובה, ומספר התחלובה. עבור פרות שלא התעברו עד הזרעה הששית, חישובנו את התוחלת של מספר הזרעות עד להתעברות,  $E(\text{con}_j)$ , לכל תחלובה לחוד, כאשר היו כבר  $j$  הזרעות בלי התעברות, לפי הנוסחה הבאה:

$$i = 13$$

$$E(\text{con}_j) = i(p_j)(\text{con}_j)$$

$$i = j+1$$

כאשר  $i$  = מספר הזרעה,  $p_j$  = ההסתברות שהפרה לא התעברה עד הזרעה  $j$ , כאשר ידוע

ב-1993 התחלנו בניתוחים שגרתיים של תכונות תנובת חלב לפי "מודל הפרט הבווד" (Individual Animal Model) (ולר, ישראל, ועזרא, חקר ומעש, 15: 5-12). ב-1994 הוחלט בוועדת ספר-העדר להעביר את רוב הניתוחים הגנטיים השגרתיים של נתוני ספר העדר מניתוחים המבוססים על "מודל האב" לניתוחים על בסיס מודל הפרט, כולל ריכוז תאים סומטיים (רת"ס) ופוריות נקבית. בשנה שעברה סיכמנו את תוצאת הניתוחים הראשונים של רת"ס לפי מודל הפרט הבווד (ולר ועזרא, חקר ומעש, 17: 5-10). היתרון של מודל הפרט הבווד הוא, שניתן לנצל את כל הקשרים הגנטיים הידועים כדי לקבל את האומדן הגנטי המדויק ביותר עבור כל הפרטים הכלולים בניתוח, כולל פרטים בלי רישום לתכונה. לכן, ניתן לאמוד במהימנות רבה את הנטיות הגנטיות והפנוטיפיות באוכלוסיה.

מאז 1982 אנו גם מבצעים ניתוחים גנטיים שגרתיים של פוריות נקבית וזכרית לפי מודל הידוע בכינויו דו"ח ג'ורג', מנתחים חומר של חמש שנים, לכל היותר. כדי לנתח פוריות לפי מודל הפרט, דרושה רישום אחת לתחלובה. לכן, הרשומה לניתוח הוגדרה כאחד חלקי מספר הזרעות עד להתעברות. עבור פרות שהזרעו אך לא התעברו, מחשבים את התוחלת של מספר הזרעות להתעברות.

רוב המחקרים בעולם מצאו מתאם גנטי שלילי בין פוריות נקבית ותנובת חלב וחלבון. לכן צפוי, שטיפוח לחלב יביא לנסיגה גנטית בפוריות. בניתוח הקודם של נתוני ספר-העדר הישראלי ב-1989 לא נמצא מתאם גנטי בין פוריות ותנובת חלב, והנטייה הגנטית לפוריות היתה קרובה לאפס, למרות ההתקדמות הגנטית בחלב (ולר, 1989). הניתוח ההוא היה

כאשר  $CS =$  המדד לפוריות לפני התיקון,  $M_{ij} =$   
 ממוצע CS בתחלובה  $i$ , וחודש המלטה  $j$ , ו- $M_{1-4}$   
 = ממוצע CS בהמלטות אפריל בתחלובה  
 הראשונה.

טבלה 2. הממוצע של מדד הפוריות לפי  
 תחלובה וחודש המלטה.

חודש	מספר התחלובה				
	1	2	3	4	5
ההמלטה	63.9	60.8	58.9	56.2	54.3
ינואר	61.8	57.5	56.2	53.0	49.3
פברואר	58.9	53.7	52.8	51.5	47.5
מרץ	54.7	49.9	49.2	47.9	45.4
אפריל	48.4	45.3	46.4	45.8	42.4
מאי	46.5	41.1	44.7	45.0	40.7
יוני	50.9	43.2	46.0	45.5	43.5
יולי	58.0	48.4	49.0	49.2	47.6
אוגוסט	65.2	56.0	55.6	55.6	54.2
ספטמבר	66.5	62.2	60.6	59.3	56.6
אוקטובר	66.9	62.9	61.8	60.0	57.5
נובמבר	65.7	62.8	61.1	59.0	56.9
דצמבר					

הניתוח לפי מודל הפרט כלל את כל הפרות  
 עם לפחות הזרעה אחת רשומה בתחלובה  
 הראשונה. נכללו רשומות של תחלובות נוספות  
 עד החמישית, בתנאי שלכל התחלובות  
 הקודמות של אותה פרה היו רשומות של  
 הזרעה אחת, לפחות. מודל הניתוח, בדומה  
 למודל עבור תכונות ייצור חלב ותאים סומטיים  
 כלל השפעת התחלובה, השפעת העדר-שנה  
 עונה, ההשפעה הגנטית התוספתית, ההשפעה  
 הפרתית הלא-גנטית, והשפעת הקבוצה  
 הגנטית. ההשפעות הגנטית והפרתית הלא-  
 גנטיות נחשבות כהשפעות "אקראיות", יתר  
 ההשפעות נחשבו השפעות "קבועות". הנחנו  
 שהשונות הגנטית שווה ל-2.5% מהשונות  
 הכללית, והשונות הפרתית הלא-גנטית שווה ל-  
 7.5% מהשונות הכללית. 90% השונות הותרת  
 נחשבת כשונות "שאריתית" לא מוסברת על  
 ידי הגורמים במודל. הניתוח כלל 440,558  
 תחלובות של 185,613 פרות. המספר הכללי  
 של פרות, כולל אמהות של פרות עם רשומות,  
 היה 229,631 ומספר הפרים בניתוח היה 903.  
 לכל פרט חושב אומדן תורשה (א"ת). הניטה

שהפרה לא התעברה עד ההזרעה ה- $j$ , ו- $con_j$   
 ההסתברות להתעברות בהזרעה ה- $j$ : בהזרעה ה-  
 $1 = p_j, j+1$ . מההזרעה ה- $j+2$  עד ההזרעה  
 הששית,  $p_i$  חושב לפי הנוסחה הבאה:

$$k = i$$

$$p_i = \prod_{k=j+2}^i (p_{k-1})(1 - con_k)$$

כאשר  $k =$  מספר ההזרעה מ- $j$  עד  $i$ , ו- $\Pi$   
 מסמל מכפלה של תור. עבור  $k > 6$ , השתמשנו  
 בהסתברות להתעברות בהזרעה הששית.  
 התוחלת של מספר ההזרעות עד להתעברות  
 לפי מספר ההזרעה האחרונה הרשומה ומספר  
 התחלובה מופיטה בטבלה 1. הונחלת שווה  
 בערך למספר ההזרעה האחרונה הרשומה + 3.  
 עבור פרות שהזרעו שש פעמים וגם לא  
 התעברו, הנחנו שהתוחלת שווה לאחד יותר  
 מאשר פרות מאותה התחלובה שהזרעו חמש  
 פעמים בלי התעברות.

טבלה 1. התוחלת של מספר ההזרעות עד  
 להתעברות לפי מספר ההזרעה האחרונה  
 הרשומה ומספר תחלובה.

מספר ההזרעה האחרונה	מספר התחלובה				
	1	2	3	4	5
1	3.84	3.98	3.95	4.06	4.21
2	5.11	5.19	5.18	5.32	5.40
3	6.28	6.35	6.40	6.55	6.58
4	7.37	7.44	7.53	7.68	7.69
5	8.39	8.45	8.54	8.73	8.66

כדי לחשב גורמי תיקון עבור חודש ההמלטה,  
 חישבנו את הממוצע של מדד הפוריות ל-  
 518,730 תחלובות לפי תחלובה וחודש  
 המלטה. התוצאות בטבלה 2. כצפוי, המדד היה  
 הנמוך ביותר עבור פרות שהמליטו ביוני, ולכן  
 הזרעו בפעם הראשונה בדרך כלל באוגוסט,  
 והגבוה ביותר עבור פרות שהמליטו בנובמבר.  
 המדד גם ירד עם העליה במספר התחלובה. לפי  
 ממוצעים אלה חישבנו את המדד לפוריות  
 המתוקן לחודש ההמלטה,  $CS_c$ , לפי הנוסחה  
 הבאה:

$$CS_c = CS - M_{ij} + M_{1-4}$$

CSc של אותה פרה בתחלובה הראשונה והשניה. לפי תוצאות אלה קבענו את שיעור גורמי השונות בניתוח לפי מודל הפרט.

התורשתיות והמתאמים הגנטיים והפנוטיפיים בין שיעור התעברות, יציאה, רת"ס, ותנובת חלב, שומן וחלבון בתחלובה הראשונה מופיעים

טבלה 3. התורשתיות של פוריות נקבית בתחלובות אחת ושתיים והמתאמים הגנטי והפנוטיפי בין התחלובות.

0.017	תורשתיות תחלובה ראשונה
0.028	תורשתיות תחלובה שניה
0.891	המתאם הגנטי
0.083	המתאם הפנוטיפי

בטבלה 4. שיעורי התורשתיות באלכסון, המתאמים הגנטיים מעל לאלכסון, והמתאמים הפנוטיפיים מתחת לאלכסון. התורשתיות של יציאה היתה 0.02 ואפילו נמוכה מהתורשתיות לפוריות. שיעורי התורשתיות ליתר התכונות היו דומים למחקרים קודמים. לעומת ניתוחים קודמים של נתוני ספר-העדר, נמצאו מתאמים גנטיים שליליים בין תכונות ייצור חלב ופוריות. המתאם החזק ביותר היה בין פוריות ותנובת חלבון,  $-0.42$ . לפי תוצאות אלה, טיפוח לחלבון וחלב היה צריך להביא לירידה גנטית בפוריות. לכל התכונות היו מתאמים גנטיים משמעותיים עם היציאה. המתאם הגנטי בין יציאה ופוריות היה  $-0.47$  והמתאם הפנוטיפי היה  $-0.34$ . כלומר, ליציאה יש קשר משמעותי עם פוריות נקבית.

בדומה ליתר התכונות, בסיס המבחן לפוריות נקבע לפי הפרות שנולדו ב-1990. כלומר,

הגנטית חושבה כרגרסית א"ת של הפרות על תאריכי לידתן. הנטיה הפנוטיפית חושבה כרגרסית CSc בתחלובה הראשונה של הפרות עם רשומות על תאריכי לידתן. וכללו 185,507 פרות שנולדו מ-1981 ועד 1993.

חישבנו את המתאם בין א"ת הפרים לפי מודל הפרט ומודל דו"ח ג'ורג'. הניתוח לפי מודל דו"ח ג'ורג' כלל 556,466 הזרעות מ-1.1.91 ועד 31.8.95. המתאם חושב על בסיס 48 פרים עם לפחות אלף הזרעות בניתוח לפי דו"ח ג'ורג'. חישבנו גם את התורשתיות של CSc בתחלובה הראשונה והשניה, וכן את המתאמים הגנטיים והפנוטיפיים בין התחלובה הראשונה והשניה בשיטת REML לפי מודל אב. כמו כן, חישבנו את התורשתיות והמתאמים הגנטיים והפנוטיפיים בין שיעור התעברות, יציאה, רת"ס, ותנובת חלב, שומן וחלבון בתחלובה הראשונה לפי אותו מודל.

## תוצאות

התורשתיות של פוריות נקבית בתחלובות אחת ושתיים והמתאמים הגנטי והפנוטיפי בין התחלובות מופיעים בטבלה 3. בדומה למחקרים קודמים, התורשתיות לפוריות נמצאת בתחום 2% עד 3%, הרבה פחות מתכונות יכול החלב. לעומת זאת, המתאם הגנטי בין התחלובות כמעט 0.9. כלומר, בהתאם להנחות מודל הפרט, מההבט הגנטי הפוריות בתחלובה הראשונה והשניה היא כמעט אותה התכונה. כצפוי, המתאם הפנוטיפי נמוך, פחות מ-0.1; כלומר, אין מתאם גבוה בין

טבלה 4. התורשתיות והמתאמים הגנטיים והפנוטיפיים בין שיעור התעברות, יציאה, רת"ס, ותנובת חלב, שומן וחלבון בתחלובה הראשונה. שיעורי התורשתיות באלכסון, המתאמים הגנטיים מעל לאלכסון, והמתאמים הפנוטיפיים מתחת לאלכסון.

פוריות	יציאה	חלבון	שומן	חלב	רת"ס	רת"ס
-0.366	0.203	0.172	0.054	0.116	0.158	רת"ס
-0.286	-0.510	0.743	0.445	0.251	-0.067	חלב
-0.301	-0.270	0.608	0.354	0.597	-0.045	שומן
-0.419	-0.400	0.238	0.663	0.873	-0.029	חלבון
-0.469	0.021	-0.133	-0.100	0.144	0.080	יציאה
0.035	-0.344	0.023	0.023	0.037	-0.024	פוריות

## טבלה 5. הפרטים הגבוהים ביותר לפי אומדן תורשה חמ"מ.

א"ת חמ"מ	חמ"מ חמ"מ	א"ת ש"ה	ממוצע ש"ה	רשומות	% השנות	שם הטב	שם האב	האב	שם הפר	הפר	דירוג
740	94	2.88	59.87	160	84	עמ"ר	ס יקוט	5137	רור	3274	1
727	94	-1.61	48.20	111	88	פוח	פנד	5125	פנד	3212	2
714	91	0.09	51.07	113	81	פוח	אנהטר	5129	אול	3259	3
686	92	4.32	65.79	120	81	פוח	פנד	5125	פנד	3290	4
645	98	3.62	59.06	522	95	פול	ארי	2141	ארי	2337	5
598	92	-1.45	45.71	122	82	פול	פול	2196	פול	3258	6
592	91	-0.62	56.75	96	79	פול	פול	2196	פול	3272	7
570	100	0.90	54.40	3355	99	פול	פול	829	פול	3089	8
534	92	-1.76	44.75	132	82	פול	פול	2132	פול	3198	9
527	94	-3.96	50.47	107	87	פול	פול	2155	פול	3208	10
526	91	1.82	55.62	79	82	פול	פול	2154	פול	3178	11
519	100	1.82	55.19	2132	99	פול	פול	5111	פול	2283	12
492	84	-0.58	42.12	12	78	לא ידוע	לא ידוע	162E4	פול	5125	13
491	88	-0.51	51.16	69	72	עמ"ר	פול	5133	פול	3287	14
484	89	1.46	59.33	114	89	איל	אדמור	550	אדמור	2169	15
482	100	-0.48	53.91	2385	99	פול	פול	5113	פול	2278	16
481	85	-0.78	47.58	26	84	פול	פול	516	פול	299	17
474	92	4.50	66.32	109	79	עמ"ר	פול	5137	פול	3289	18
463	82	1.05	44.37	15	52	פול	פול	2154	פול	3314	19
462	72	-0.70	.	.	66	פול	פול	441	פול	954	20
458	100	-1.75	48.54	1436	98	פול	פול	5120	פול	3123	21
445	100	0.87	54.24	3324	99	פול	פול	783	פול	3070	22
440	92	1.83	59.08	112	81	פול	פול	3070	פול	3301	23
430	99	2.52	55.27	441	95	פול	פול	829	פול	3145	24
423	98	-0.92	55.08	326	93	פול	פול	5115	פול	2311	25

ההישגות של הפרות היה 41%, ול-15% מהפרות היתה הישגות מעל 50%. ממוצעי א"ת של הפרות לפוריות CSc בתחלובה הראשונה לפי שנת לידתן מופיעים בציור 1. העקומה

ממוצע א"ת של פרות אלה נקבע שווה לאפס. סטיות התקן בין א"ת של הפרות היתה 2.6% והטווח היה מ-8% ועד 14.6%. למרות התורשתיות הנמוכה של הפוריות, ממוצע

הכיוון כשאר המתאמים הגנטיים, אך קרובים יותר לאפס. המתאם של  $-0.07$  בין פוריות וחמ"מ, ו- $0.13$  בין רת"ס וחמ"מ שוב מצביע על כך, שטיפוח לחמ"מ צריך להביא לנסיגה גנטית בפוריות, ועליה גנטית ברת"ס.

המתאם בין א"ת לפוריות נקבית לפי מודל הפרט ולפי המודל של דו"ח ג'ורג' עבור 48 פרים שלהם היו יותר מאלף הזרעות בדו"ח ג'ורג' האחרון היה  $0.87$ . לכל הפרים האלה היתה הישנות מעל  $94\%$  בניתוח לפי מודל הפרט. הסיבות למתאם פחות מאחד הן ההבדלים בין המודלים וחפיפה חלקית בלבד של קובץ הנתונים. הניתוח לפי דו"ח ג'ורג' לא כלל את ההזרעות מ-1985 ועד 1990 שנכללו בניתוח לפי מודל הפרט.

### מסקנות

התורשתיות של פוריות נקבית שחושבה על בסיס תחלובתי היא כ- $2\%$ . המתאם הגנטי בין פוריות בתחלובה ראשונה ושניה היה  $0.9$ , לעומת מתאם פנוטיפי של  $0.1$ . המתאמים בין תכונות ייצור חלב ופוריות היו שליליים. למרות זאת, הנטיה הגנטית לפוריות היתה קרובה מאד לאפס. המתאם הגנטי בין פוריות נקבית ויציאה בתחלובה הראשונה, כ- $-0.5$ , אולי מסביר את הנטיה הגנטית החיובית למרות הסלקציה לחמ"מ.

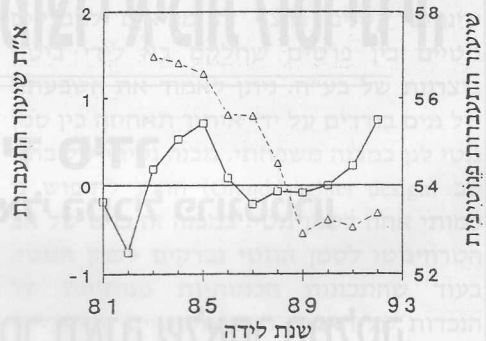
### ספרות

ולד י., קלרה ישראל, א. עזרא (1993) מודל הפרט. חקר ומעש 15: 5-12.  
ולד י., א. עזרא (1995) ניתוח סטטיסטי של ריכוז תאים סומטיים בעדר הבקר לחלב הישראלי לפי מודל הפרט הבודד. חקר ומעש 17: 5-10.  
Weller, J.I. (1989) Genetic analysis of fertility traits in the Israeli dairy cattle population. J. Dairy Sci. 72:2644-2650.

הפנוטיפית מתחילה ב-1983, בגלל שהפרות שנולדו קודם 1983 מהוות מדגמים קטנים ולא מייצגים. הנטיה הגנטית היתה  $0.04\%$ , והנטיה הפנוטיפית היתה  $-0.24$ . למרות המתאם השלילי בין תכונות ייצור חלב לפוריות נקבית, הנטיה הגנטית שהתקבלה לא היתה שלילית, כנראה בגלל סלקציה לטובת פוריות ברמת המשק.

היו 577 פרים עם הישנות מעל  $50\%$ . סטית התקן בין א"ת של הפרים היתה  $2\%$ , והטווח היה מ- $5\%$  עד  $5.9\%$ . בטבלה 5 מופיעים אומדני התורשה לפוריות של 25 הפרים עם אומדני התורשה הגבוהים ביותר עבור חמ"מ טיפוח. לפר סיעם היתה הגבוה ביותר,  $4.5\%$ , ולסיר הא"ת הנמוך ביותר,  $-4.0\%$ . למרות התורשתיות הנמוכה של פוריות, לרוב הפרים היתה הישנות מעל  $80\%$ . המתאמים בין א"ת של הפרים לפוריות, רת"ס, חמ"מ, חלב, שומן, וחלבון מופיעים בטבלה 6. כצפוי, המתאמים בין א"ת של הפרים היו באותו

ציור 1. הנטיות הגנטית והפנוטיפית של פוריות נקבית בעדר הבקר הישראלי.  $(\Delta-\Delta)$  הנטיה הפנוטיפית;  $(\square-\square)$  הנטיה הגנטית.



טבלה 6. המתאמים בין א"ת של הפרים לפוריות, רת"ס, חמ"מ, חלב, שומן, וחלבון.

פוריות	רת"ס	חלבון	שומן	חלב	חמ"מ	
-0.074	0.134	0.948	0.764	0.513	-	חמ"מ
-0.011	0.145	0.747	0.359	-	-	חלב
-0.020	-0.038	0.602	-	-	-	שומן
-0.070	0.184	-	-	-	-	חלבון
-0.142	-	-	-	-	-	רת"ס
-	-	-	-	-	-	פוריות