

364-0156-99

קוד מחקר:

נושא: פיתוח חומר רביה של בקר בעל ערך גנטי וטכנולוגי רב לטיפול ולייצוא.

מוסד: מינהל המחקר החקלאי, ת.ד. 6 בית דגן 50250

חוקר ראשי: ד"ר מיכאל רון

חוקרים שותפים:

1997-1999

תקופת מחקר:

25

מאמרים:

תקציר

סלקציה בעזרת סמנים גנטיים ברמת העגל הצעיר או העובר עשויה להגדיל את העוצמה, הדיוק בסלקציה וכושר התחרות בשוק הרבייה העולמי.

מטרת המחקר: ייצור תשתית ליישום טכנולוגיה חדשה בטיפול בקר לחלב.

מהלך העבודה: בעבודה על אנליזה גנטית של עוברים גודלו 21 עוברי בקר בתרבות לאחר הפריית מבחנה. הם פוצלו לרבעים ועברו פירוק.

תוצאות: באנליזה מולקולרית התקבלה התאמה של 100% בקביעת מין. 94% בגן קפא-קזאין, 91% בגן למחלת בלד ו-99% בקביעת סמן גנטי. ערכנו סריקה שיטתית של גנום הבקר באוכלוסייה האמריקאית על ידי 174 סמנים גנטיים המפוזרים ב-29 כרומוסומים. נמצאו 7 גנים לתכונות ייצור. בהמשך ערכנו בדיקה של גנים באוכלוסייה הישראלית. דם הוא החומר האופטימלי להפקת דנא עבור מרצף ה-דנא האוטומטי. עד כה נאסף דם מיותר מ-10000 פרות בנות 11 פרים מכ-150 משקים קיבוציים, והופק דנא. נקבעו גנוטיפים ל-50 סמנים גנטיים. כתוצר לוואי של הסריקה בסמנים גנטיים מתקבל זיהוי גנטי וודאי של הפרות הניתן להשוואה עם קביעת אבהות בספר העדר. נמצאה אי-התאמה של 11% בזיהוי אבהות. על ידי ניתוח הדמיה נמצא שהתקדמות גנטית באוכלוסייה עם 10% טעות באבהות הייתה נמוכה ב-5% לעומת אוכלוסייה עם דיוק מלא בזיהוי אבהות.

נקבעו ההשפעות הגנטיות לכל סמן עבור 8 תכונות: חלב, שומן, חלבון, ריכוז שומן וחלבון, ריכוז תאים סומאטיים, פוריות נקבית ואינדקס הטיפול הנוכחי. נמצאו השפעות מובהקות עבור 13 אתרים בגנום. ל-4 אתרים נמצאה השפעה מובהקת על אינדקס הטיפול. מיווי עדין של האתרים על ידי מספר רב של סמנים גנטיים בכל אתר יצר הפלוטיפ המאפשר מעקב אחר האלל בסלקציה. הוספנו למודל הפרט משוואה לכל גן וכך חושבו הערכות גנטיות לפרות שלהן מידע גני וכמותי.

גישה זו מאפשרת שילוב מידע גני בהערכות גנטיות בלתי-מוטות המשמשות לסלקציה. בשנת 2000 התחלנו עם התאחדות מגדלי בקר ביישום "סלקציה מלווה בסמנים" בטיפול הבקר הישראלי על ידי אנליזה של עתודות ועגלים ל-4 גנים המשפיעים על אינדקס הטיפול.

עם ההתקדמות שחלה בשנים האחרונות בתחום הביולוגיה המולקולרית נוספים אמצעים לסלקציה של תכונות כלכליות בבקר ברמת ה-DNA. סלקציה לגנים בעלי ערך כלכלי, בעזרת סמנים גנטיים, ברמת העגל הצעיר או העובר עשויה להגדיל את העוצמה, הדיוק בסלקציה וכושר התחרות בשוק הרבייה העולמי. איתור גנים מבוצע על ידי סריקה שיטתית של כל הגנום באמצעות סמנים גנטיים. אנליזה של הגנים מבוצעת באמצעות שיטות סטטיסטיות מורכבות של "מיפוי מקטעים" ו"נראות מירבית". הטמעת מידע גני בחישוב אינדקס הטיפוח מחייבת פיתוח מודל פרט חדש. המחקר הנוכחי מיועד לייצר תשתית לשימוש בטכנולוגיה החדשה בטיפוח בקר לחלב.

אומדן שיעור הטעות בקביעת אבהות בבקר הישראלי ומשמעותה לטיפוח אומדן מהימן של פרמטרים גנטיים באוכלוסיה והערכות גנטיות של פרים ופרות מותנה בזיהוי מדויק של אבהות באוכלוסיה. אבהות נקבעת בספר-העדר על בסיס דיווחי הזרעה והמלטה של הפרה. ההזרעה האפקטיבית נקבעת על פי הסטייה המיזערית של מספר הימים מהזרעה להמלטה מאורך הריון מסוים של 277 יום.

בפרויקט חיפוש גנים בבקר הישראלי נבדקות אלפי פרות באמצעות סמנים גנטיים. בתוצר לוואי של הסריקה מתקבל זיהוי גנטי וודאי של הפרות הניתן להשוואה עם קביעת אבהות בספר העדר. נאספו מעל 8000 דגימות דם פרות מכ-100 משקים קיבוציים מכל הארץ. הופק DNA מרב הדוגמאות. ב-2000 דוגמאות נבדקו על ידי 25 סמנים גנטיים ונקבע הזיהוי הגנטי של הפרות בהסתברות של 99.9%. מהשוואה לבדיקת האבהות של ספר-העדר נמצאה אי-התאמה בשיעור 1.1%. הסיבות לטעות עלולות לנבוע מהכנת הזרמה באגודה להזרעה מלאכותית, מההזרעה והדיווח על ידי המזריע, מטעות בקביעת ההזרעה האפקטיבית, מהחלפת וולדות בהמלטה ומטעות של המעבדה הגנטית בדגימת הדם או בניתוח הגנטי.

כדי לבדוק את התרומה של המעבדה הגנטית ל"שרשרת הטעות" יצאנו לדגום דם של 22 פרות מ-5 משקים שלגביהן נמצאה אי-התאמה בזיהוי אבהות. איסוף הדם, הפקתו ואנליזה גנטית בוצעו בשיגרה המקובלת והושאו לתוצאות הקודמות. נתקבלה התאמה מלאה בתוצאות של הסמנים הגנטיים. במחקר נוסף קיבלנו שערות מ-18 פרות לזיהוי גנטי. כדי לאמת את דיוק הקביעה הגנטית יצאנו לדגום דם של אותן פרות מ-15 משקים ושוב השוואנו את התוצאות מדם לשער ונתקבלה התאמה מלאה. לפיכך, ניתן להסיק שהגורמים לטעות בזיהוי הגנטי אינם נובעים מהבדיקה הגנטית.

כדי לבדוק את ההשלכות של טעות בקביעת אבהות על ההתקדמות הגנטית ביצענו ניתוח הדמייה במחשב של עדר עם 100,000 פרות עם המאפיינים של הבקר הישראלי של 30% יציאה, הזרעה עם 20 פרים נבחנים ומבחן צאצאים של 60 פרים צעירים בכל שנה. ההתקדמות הגנטית חושבה לאורך 20 שנה עם טעות בזיהוי אבהות של 0 ו-10 אחוז. הטעות בזיהוי בוצעה על ידי החלפת הפר המזריע "בפועל" בפר אחר. האומדנים לערך הטיפוחי חושבו על ידי מודל הפרם. ההתקדמות הגנטית השנתית חושבה כרגרסיה של הערך הטיפוחי על שנת הלידה של הפרות. ההתקדמות הגנטית באוכלוסיה עם 10% טעות באבהות היתה נמוכה ב-5% מהאוכלוסיה עם 0% טעות באבהות. הרווח הגנטי השנתי לזיהוי גנטי מהימן הוא של 500,000 ק"ג חלב אשר מצטבר ונשאר לאורך זמן. לפיכך, בדיקה גנטית ל-6000 בנות פרים צעירים בכל שנה היא כדאית מבחינה כלכלית לטווח ארוך.

איתור גנים המשפיעים על אינדקס הטיפוח בעזרת סמנים גנטיים ניתן לבדוד את ההשפעות של גנים ספציפיים על תכונות כלכליות על ידי תאחיזה לסמנים גנטיים. עבור אוכלוסית הבקר הישראלי מבנה ניסוי של בתי-אב הוא אופטימלי.

כאשר האב הטרוזיגוט לסמן מחצית הבנות יקבלו כל אלל אבהי. הבדל מובהק בין ממוצעי שתי קבוצות הבנות לתכונה כלכלית מעיד על תאחיזה גנטית בין הסמן וגן אחר שמשפיע על התכונה הכלכלית. ככל שהסמן והגן הכמותי קרובים יותר, נמדוד השפעה חזקה יותר על התכונה. דרושים כ-80 סמנים כדי לכסות את כל הגנום של הבקר. ניתן להשיג עוצמה סטטיסטית של 80% לגלות גן עם השפעה של 0.2 סטיות תקן על ידי מידגם של כ-1000 בנות מ-10 משפחות של בתי-אב. מיקרוסטליטים של דנא הם הסמנים הגנטיים המועדפים בגלל רמת הפולימורפיזם הגבוה שלהם. בעזרת רצף ה-דנא האוטומטי ניתן להריץ בכל גל 48 מסלולים. על ידי צביעת ה-דנא בצבעים שונים והרצה יחד של מקטעי דנא בגדלים שונים, ניתן בכל מסלול להריץ עד 15 מיקרוסטליטים, כלומר 720 גנוטיפים לגל.

בשלב ראשון ערכנו סריקה שיטתית בגנום הבקר באוכלוסיה האמריקאית על ידי 174 סמנים גנטיים המפוזרים ב-29 כרומוסומים. נמצאו 7 גנים לתכונות ייצור. בשלב שני אנו עורכים בדיקה של גנים באוכלוסיה הישראלית. דם הוא החומר הביולוגי האופטימלי להפקת דנא עבור מרצף ה-דנא האוטומטי. עד כה נאסף דם מיותר מעשרת אלפים פרות בנות 11 פרים מכ-150 משקים קיבוציים, והופק דנא. נקבעו גנוטיפים ל-3300 פרות ל-50 סמנים גנטיים. נקבעו ההשפעות עבור 8 תכונות: חלב, שומן, חלבון, ריכוז שומן וחלבון, ריכוז תאים סומאטיים, פוריות ניקבית ואינדקס הטיפוח הנוכחי. נמצאו השפעות מובהקות עבור מספר רב של גנים אך רק על 3 גנים המשפיעים על אינדקס הטיפוח (טבלה 1). היו השפעות מובהקות על כל התכונות, להוציא פוריות נקבית, שהיא התכונה עם התורשתיות הנמוכה ביותר. באוכלוסיה שלנו נמצאה השפעה על ריכוז שומן בכרומוסום 14 שמצאנו קודם באוכלוסית הבקר בארה"ב. לפרים גנדי ובוטח היו השפעות מובהקות ברמה של 0.001. גודל השפעת הגן על כרומוסום 14 היה 0.102% שומן ברמה של אומדני התורשה של פרות. על ידי ניתוח של סמנים נוספים על כרומוסום 14 קבענו שהגן המתפצל בבנות הפר גנדי נמצא בתוך קטע כרומוסומלי של 10 יחידות מיפוי קרוב מאוד לצנטרומר. כמו כן, קיבלנו אימות של ההשפעה על ריכוז חלבון בכרומוסום 6 שנמצאה קודם באוכלוסיה ההולנדית ובאוכלוסיה שלנו על ידי ליפקין ושות'. נמצאו השפעות מובהקות עבור הפרים מפי ובוטח. ההשפעה בבנות מפי היתה מובהקת ב- $10^{-7}$ . בכרומוסום 6 נמצאו גם השפעות מובהקות על חלב, שומן, ריכוז שומן ואינדקס טיפוח. ההשפעות היו כ-140 ק"ג אינדקס טיפוח בבנות הפרים מפי ובוטח. כמו כן, היו השפעות מובהקות על אינדקס הטיפוח בכרומוסומים 7 ו-27.

מספר המשפחות המראות גן מתפצל נע בין 1 ל-3 ומהווה רבע מכלל המשפחות הנבדקות. במודל של 2 אללים לגן שביחיות האללים הצפויות הם: 0.15:0.85. כדי לנצל גן כמותי בטיפוח המעשי דרוש לקבוע את השפעתו על כל התכונות הכלכליות ובפרט על אינדקס הטיפוח, ולמקם אותו בעזרת סמנים גנטיים נוספים באותו קטע של הכרומוסום.

### מיפוי עדין של גנים

הגן על כרומוסום 14 בבקר נמצא על ידינו באוכלוסית הבקר בארה"ב וגם אומת על ידינו באוכלוסית הבקר בארץ. גם הקבוצה של מישל ז'ורז' אימתה את מימצאנו באוכלוסית הבקר ההולנדי. לפיכך, התמקדנו במיפוי עדין של הגן בקצה הצנטרומרי של כרומוסום 14. בהיעדר סמנים נוספים במפה איתרנו 2 סמנים גנטיים במרחק של 10 יחידות מפה באותו אזור לכיוון הצנטרומר על ידי שימוש בספריה של BAC (Bacterial Artificial Chromosome). מצאנו על ידי "מיפוי לפי מקטעים" שהגן נמצא קרוב יותר לסמנים אלו וניתן יהיה לעקוב אחריו בסלקציה. הגן על כרומוסום 6 נמצא על ידי קבוצות מחקר שונות בהולנד, סקנדינביה, גרמניה

וישראל. יוחסה לגן השפעה בגודל של מעל סטיית תקן אחת על ייצור חלב וחלבון. אנחנו בדקנו 8 משפחות מהן 2, מפי ובוסת, נמצאו מתפצלות לגן. ביצענו "מיפוי לפי מקטעים" באמצעות 9 סמנים גנטיים במרווחים של כ-5 יחידות מפה בין הסמנים באזור הגן. להפתעתנו נראתה תופעה של קיום שני גנים סמוכים במרחק 15 יחידות מפה, באותו אזור כאשר האחד משפיע על כמות החלב, והאחר על כמות חלבון ושומן. באיור 1 מוצג מיקום 4 הסמנים על כרומוסום 6, בחיצים דקים, בטווח שבין 34 ל-78 יחידות מפה, כאשר המיקום המשוער של הגנים מוצג בחיצים עבים. כאשר ההשפעות של שני הגנים הפוכות מתקבלת השפעה חזקה על תכונת % חלבון במובהקות של  $10^{-14}$ . במודל של שני גנים ניתן לאפיין כל משפחה לגבי הגנים המתפצלים. במשפחות מפי וגולית שני הגנים מתפצלים ומשפיעים באופן הפוך כלומר מגדילים חלב ומקטינים חלבון ושומן, ולהיפך. פעולת שני הגנים יוצרת השפעה חזקה על % חלבון. במשפחות בוסת וסינבד רק הגן לחלב פעיל ובמשפחת פלור רק הגן לשומן פעיל.

**גישה חדשה לפתרון בעיה סטטיסטית של השוואות מרובות באנליזה גנטית של תכונות מורכבות**

השימוש במפות גנטיות צפופות למיקום גנים ספציפיים המשפיעים על תכונות כמותיות יוצר בעיה סטטיסטית של דיבוי השוואות ועקב כך קביעת ערך סף לא מדויק לדחיית השערות. אנחנו הצענו להשתמש ב "False Discovery Rate" כלומר השיעור הצפוי של השערות אפס נכונות אשר נדחות. כך מושגת עוצמה לגלות השפעות אמיתיות ללא תלות במספר ההשוואות שבוצעו.

**אנליזה של אתרים גנטיים ברמת העובר**

21 עוברי בקר גודלו בתרביית לאחר הפריית מבחנה. הם פוצלו לרבעים ועברו פירוק. בראקציה מולקולרית מקדימה מסוג Primer Elongation Preamplification התקבל מצע דנא המאפשר 40 אנליזות גנטיות בלתי-תלויות של גנים או סמנים גנטיים מאותו מקור עוברי. מין רבעי העובר נקבע באנליזה מולקולרית לאתרים שונים. בנוסף נקבע הגנוטיפ לגן קפא קזאין, לגן למחלה BLAD ולסמן גנטי. נבדקו ביקורות בגן מיטוכונדריאלי לתקינות הראקציה וקיום תאי עובר. נמצאו 11 עוברים זכרים ו-10 נקבות עם התאמה בין הבדיקות בתוך עובר של 100%. שיעור ההצלחה של קביעת הגן לחלבון חלב היתה 93%. עבודה זו מהווה בסיס לשימוש בטכניקה בשילוב עם מימצאים על סמנים לגנים בעלי חשיבות בטיפוח. לאחרונה, הוכנס לשימוש במעבדתנו מכשיר PCR מהיר המסוגל לבצע ראקציה במשך 15 דקות לעומת שעתיים באופן רגיל. לכך יש משמעות רבה באנליזה של עוברים ללא צורך בהקפאה עד קבלת תוצאות הבדיקה.

**פיתוח ויישום אינדקס טיפוח משולב בסמנים**

פותחה שיטה לאומדן בלתי-מוטה של השפעות גנים, במבנה של בתי-אב, באמצעות מודל פרט מורחב המשתמש במידע כמותי (נתוני ייצור) ובדיד (גנים) בו-זמנית. במבחן הצאצאים לפי מודל הפרט תיתוסף משוואה לכל אפקט מובהק לסמן גנטי במשפחה מסוימת. במשוואה זו כל פרט הנושא את האלל המעלה יקבל את הערך 1, וכל פרט הנושא את האלל המוריד יקבל את הערך -1. צאצאי הפרט שסומן 1 יקבלו את הערך 0.5, וצאצאי הפרט שסומן -1 יקבלו את הערך -0.5. על פי הסיכוי לרשת את האלל. כל שאר הפרטים כולל האב ההטרוזיגוטי יקבלו את הערך 0. אומדן ההשפעה התוספתית של הגן יתקבל מאנליזה תוך משפחתית ל-4 תכונות. אם מספר סמנים גנטיים אחוזים יישתתפו באנליזה אז האפקט ייקבע לפי ההפלוטיפ לגן. ההערכה הגנטית תהיה סכום ההשפעות הפוליגניות ושל הסמנים לכל פרט. למרבית הפרטים המקדמים לסמנים הגנטיים יהיו אפס ולכן ההערכה הגנטית תהיה זהה להשפעה

הפוליגנית. הערכות גנטיות לאינדקס סלקציה יחושבו על ידי הכפלת ההערכות הגנטיות לכל תכונה במקדמי האינדקס.

המודל החדש יושם על 3 השפעות גדולות של גנים על תכונות יצור, אשר מופו לכרומוסומים 6, 7 ו-14. השפעות הגנים על פי מודל פרט מורחב היו גבוהות פי 2-4 מאלו המחושבות לאומדני תורשה על פי מודל לינארי. המיתאמים של אומדני התורשה המחושבים על ידי מודל הפרט הרגיל והמורחב היו מעל 0.95 לכל התכונות, אך אומדני התורשה של פרים צעירים לאינדקס הטיפוח היו שונים עד 0.2 סטית תקן פנוטיפית, השקולה ל-300 ק"ג חלב.

**קביעת שכיחויות אללים לגנים המשפיעים על אינדקס הטיפוח**  
על פי שיעור המשפחות המראות התפצלות לגן הכמותי מתוך כל המשפחות המשתתפות באנליזה מתקבל שבמודל של 2 אללים לגן, קיים אלל שכיח ואלל נדיר באוכלוסיה. השאלה הקריטית היא איזה הוא האלל המעלה לגן הכמותי האם הוא נדיר או שכיח באוכלוסיה? לשאלה זו חשיבות מרכזית כי היא קובעת את פוטנציאל התרומה של הגן בטיפוח. אם האלל המעלה הוא נדיר אז הפוטנציאל הוא מירבי להתקדמות גנטית בתוצאה מסלקציה. ובהתאמה, אם האלל המעלה הוא שכיח באוכלוסיה לסלקציה ערך שולי כי הגן נמצא קרוב לפיקסציה. לפיכך פיתחנו מודל נסיוני המבוסס על מבנה משפחתי של 3 דורות המאפשר לנו לקבוע את שכיחויות האללים באוכלוסיה של הגן הכמותי. במודל זה, ניתן גם לבחון קיום יותר מ-2 אללים לגן וגם את סוג ההומוזיגוטיות של פרים האם לאלל המעלה או המוריד. לאיתור פרים הומוזיגוטיים לאלל המעלה יש ערך טיפוחי עצום כי אין חשש לרקומבינציה וכל הצאצאים שלהם יכילו אלל מעלה ללא צורך בבדיקת סמנים. לפרים אלו יש ערך לייצוא כי זירמתם נושאת ב-100% את הגן המעלה ללא צורך בבדיקת סמנים בצאצאים.

#### סיכום

בשנת 2000 התחלנו יחד עם התאחדות מגדלי בקר ביישום "סלקציה מלווה בסמנים" בטיפוח הבקר הישראלי. מבוצע איסוף עתודות. התכנית היא להגדיל את מספר העגלים הצעירים ולערוך סלקציה לאלו הנושאים את הגנים הרצויים. השאלה המחייבת פיתרון היא: קביעת שכיחויות אללים לגנים המשפיעים על אינדקס הטיפוח כדי לחזות את אופק וקצב השינוי של שכיחות האלל המעלה. מענה על שאלה זו יאפשר יישום יעיל של מידע גני בטיפוח.

טבלה 1: גנים המשפיעים על אינדקס הטיפוח

כרומוסום	סמן גנטי	אב	מס. פרות	השפעה	מובהקות
6	BM143	מפי	371	162	$10^{-7}$
		גולית	117	137	.01
7	UWCA20	פלור	421	78	.007
		בוטח	322	97	.006
27	BMS689	פצפון	275	73	.04
		טבע	288	88	.008

## סכום עם שאלות מנחות

1. מטרת המחקר לתקופת הדו"ח תוך התייחסות לתכנית העבודה. פיתוח שיטות לזיהוי גנטי של עוברים, איתור גנים בעזרת סמנים בבקר הישראלי, חיפוי עדין של גנים. פתרון בעיה סטטיסטית של השוואות מרובות באנליזה גנטית של תכונות מורכבות. פיתוח ויישום אינדקס טיפוח משולב בסמנים.

2. עיקרי הניסויים והתוצאות שהושגו בתקופה אליה מתייחס הדו"ח נסרק מחצית הגנום בעזרת סמנים בבקר, ונמצאו 4 גנים המשפיעים על אינדקס הטיפוח במשפחות בתי-אב באוכלוסייה הישראלית. מופה אזור הגנים על כרומוסום 6 ו-14 על ידי מספר רב של סמנים. ההפלוטיפ לכל גן מאפשר מעקב אחריו בסלקציה. פותחה טכניקה מולקולרית המאפשרת אנליזה יעילה של אתרים גנטיים מתאי עובר בקר.

פותחה גישה סטטיסטית לפיתרון הבעיה של ריבוי השוואות בחיפוש גנים בעזרת סמנים.

פותחה שיטה לאומדן בלתי-מוטה של השפעות גנים, במבנה של בתי-אב, באמצעות מודל פרט מורחב המשתמש במידע כמותי (נתוני ייצור) ובדיד (גנים) בו-זמנית.

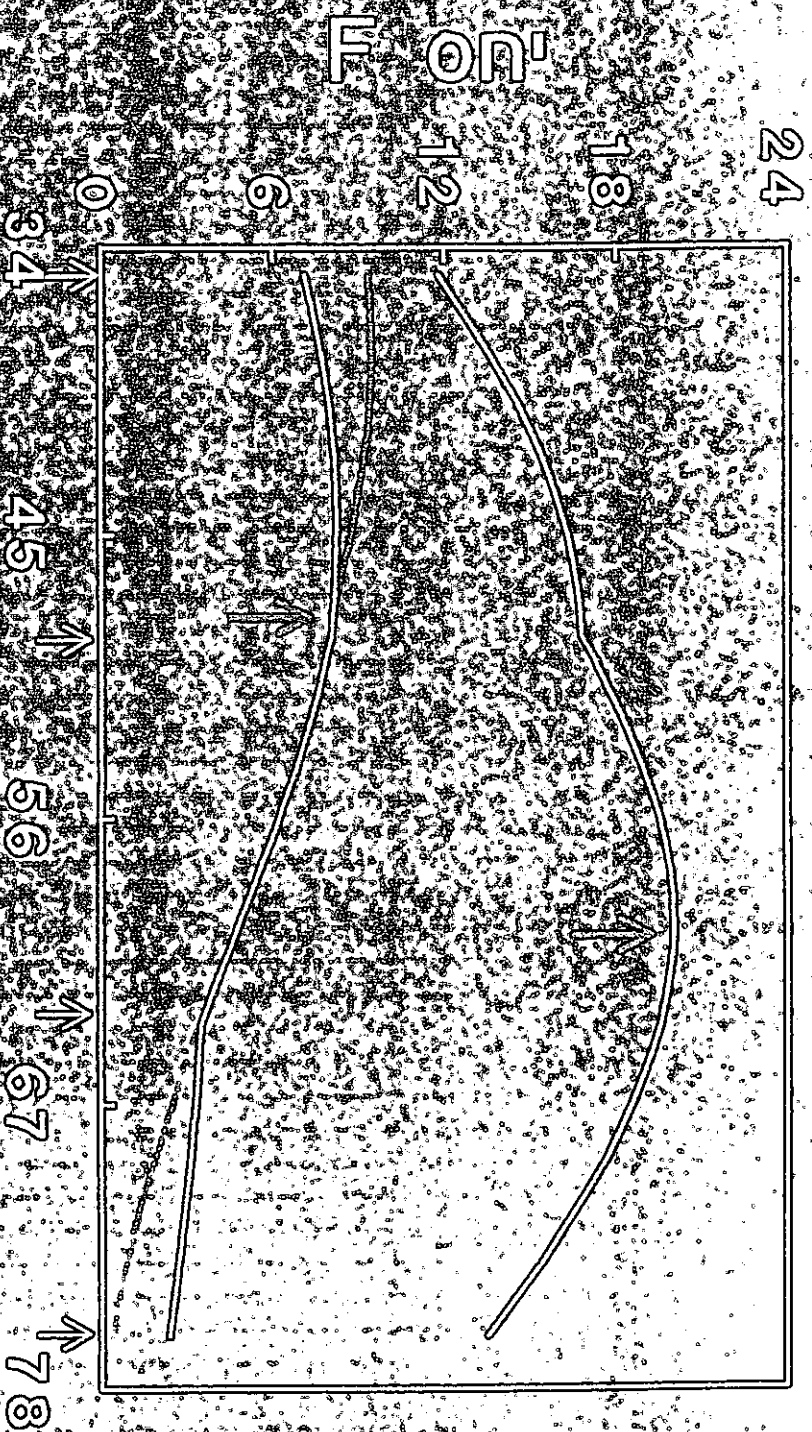
3. המסקנות המדעיות וההשלכות לגבי יישום המחקר והמשכו כדאי להשתמש בסמנים גנטיים לזיהוי אבהות ב-6000 בנות פרים צעירים בשנה אשר יביאו להתקדמות גנטית נוספת של 5%. יש לבצע חיפוי עדין לכל גן באמצעות סמנים גנטיים נוספים. ניתן לעקוב אחר הפלוטיפ הגן בסלקציה של עגלים. סלקציה לגנים לאינדקס סלקציה תביא לתוספת של 10% התקדמות גנטית לשנה. ניתן ליישם אינדקס סלקציה המשלב מידע גני ופוליגני.

4. בעיות שנותרו לפיתרון השאלה הקריטית היא איזה הוא האכלל המעלה לגן הכמותי, האם הוא נדיר או שכיח באוכלוסייה? פיתחנו מודל נסיוני המבוסס על מבנה משפחתי של 3 דורות המאפשר לקבוע את שכיחויות האללים באוכלוסייה של הגן הכמותי. לכך יש השלכות על אופק וקצב היישום של גן כמותי באוכלוסייה. הפעלה ובדיקת המודל הנסיוני חיוניים ליישום יעיל של אינדקס סלקציה המשלב מידע גני ופוליגני.

5. האם הוחל כבר בהפצת הידע שנוצר בתקופת הדו"ח המידע מוצג בכל שנה בחודש פברואר בכנס הבוקרים בזכרון יעקב ובמפגשים עם התאחדות מגדלי-בקר המשתתפת במימון. פתרונות עקרוניים כמו שיטה סטטיסטית לפתרון ריבוי השוואות דווחה בעיתון Genetics או שיעור הטעות בזיהוי אבהות והשפעתו על הטיפוח דווח בעיתון J. of Dairy Sci. או איתור גנים שדווח ב-J. Physiological Genomics. בסך הכל בנושא הנחקר התפרסמו 25 מאמרים מדעיים (רשימה מצ"ב) ועשרות הרצאות בכנסים. בנוסף פורסמו מאמרים בעברית לבוקרים בארץ.

# מצפני האגנים הכלכליים להתכונות יבול בכרמל 6

חלבן — שומן — חלב



מיקום בכרמל