

חוות דעת מומחה לגנטיקה

אני, החתום מטה, ד"ר דני זאבי, נתבקשתי על ידי בא כוחו של מר דוד אבידן קוינגטון (להלן: הנאשם), ליתן את חוות דעתי המקצועית בנושאים שיפורטו להלן. חוות דעתי ניתנת בזאת לשם הגשתה במסגרת ההליך המשפטי:

תפ"ח 59874-03-22 מדינת ישראל נ' קוינגטון.

ידוע לי היטב שלעניין הוראת החוק הפלילי בדבר מתן עדות שקר בשבועה בבית המשפט, דין חוות דעתי זו כדין עדות בשבועה שנתתי בבית המשפט.

פרטי המומחה, ניסיון מקצועי והשכלה:

שם: ד"ר דני זאבי

תפקיד: חוקר גנטיקה וראש החוג לביוטכנולוגיה במכללה האקדמית הדסה בירושלים.

רקע: בשמונה עשר השנים האחרונות עוסק ד"ר זאבי במחקר גנטי. במהלך מחקריו ביצע אלפי בדיקות PCR, בנה מערכות אוטומטיות להנדסה גנטית, ביצע מחקרים גנטיים בבני אדם, הפיק דנ"א מסוגי תאים שונים, והשווה בין פרופילים גנטיים של מאות בני אדם שהשתתפו במחקריו. בעל ניסיון עשיר מאוד בעבודה עם דנ"א אנושי במעבדה וכן באנליזה ביואינפורמטית של תוצאות ניתוח נתוני דנ"א של בני אדם. מחקריו עברו ביקורת עמיתים והתפרסמו בין היתר בעיתונים החשובים ביותר בעולם המדעי (Nature, Cell, Genome Research, Nature Biotechnology ועוד).

כראש החוג לביוטכנולוגיה במכללה האקדמית הדסה, ד"ר זאבי הוא האחראי הראשי על הכשרתם האקדמית של מאות סטודנטים בשנה בנושאים שונים בביולוגיה מולקולרית, גנטיקה, ביוכימיה, ביואינפורמטיקה, שיטות מחקר, וטכניקות מעבדה מתקדמות. בין היתר, סטודנטים תחת אחריותו ביצעו פרוייקטי גמר במעבדות הזיהוי הפלילי של המשטרה בתחום בדיקות דנ"א.

בנספח 1 מצורפים קורות החיים של ד"ר זאבי ורשימת פרסומיו המדעיים.

השאלות אותן התבקשתי לבחון על ידי בא כוח הנאשם:

- א) תקינות, נכונות ודיוק עבודת המעבדה המשטריתית ב:
1. עיבוד דגימות הדנ"א בתיק
 2. ניתוח הנתונים הגנטיים
 3. הסקת המסקנות הגנטיות מתוצאות ניתוח הנתונים
 4. דיווח התוצאות והמסקנות של מעבדת המשטרה לבית המשפט

- ב) ההיתכנות להעברת כרומוזום Y ממטפל למטופל בזמן עיסוי

חלק א' – סקירת עבודת מעבדת המשטרה על ידי ניתוח חוות הדעת של מומחית המשטרה גב' דניאל וינגרוד ועדותה בבית המשפט:

התבקשתי לבחון ולחוות את דעתי באשר לעבודת המעבדה שביצעה המשטרה בתיק זה, החל מעיבוד דגימות הדנ"א, דרך ניתוח התוצאות, המסקנות, ואופן דיווחן לבית המשפט. עשיתי זאת על ידי ניתוח חוות הדעת של מומחית המשטרה גב' דניאל וינגרוד שהוגשה לבית המשפט ומפרטת כיצד ביצעה את בדיקות המעבדה ומה התוצאות והמסקנות שהגיעה אליהן, וכן על ידי ניתוח עדותה בבית המשפט מתאריך 21.9.22.

זיהיתי כשלים משמעותיים בעבודת המעבדה, בניית התוצאות ובדיווח התוצאות. מהמידע שהוצג לי עולה כי עבודת המעבדה בתיק זה לא תואמת את הסטנדרטים הבינלאומיים המקובלים, ונעשתה בדרך שבסבירות גבוהה היתה עלולה לגרום לזיהום דגימות המטוש שנאספו מהמתלוננת בדנ"א של הנאשם. בנוסף, ניתוח התוצאות היה לוקה ולא עומד בסטנדרטים הבינלאומיים המקובלים, ודיווח התוצאות היה לוקה ביותר, לא עומד בסטנדרטים הבינלאומיים ואף מטעה.

להלן פירוט הבעיות שזיהיתי:

1) כשל חמור בסדר פתיחת ובדיקת המוצגים במעבדה – בדיקת דגימות מהחשוד לפני בדיקת מטושים מערכת האונס על ידי אותו איש צוות ובאותו אזור, בסבירות גבוהה עלולה להביא לזיהום הדגימות מערכת האונס בדנ"א של החשוד.

בעדותה של מומחית המשטרה גב' דניאל וינגרוד מתאריך 21 בספטמבר 2022 (להלן עדות וינגרוד), היא מתארת את סדר הפעולות בו נקטה בבדיקות הדנ"א שביצעה במעבדה (עמוד 128 החל משורה 29): "קיבלתי שקית מאובטחת שסומנה תחתונים שנתפסו מהחשוד ובה בעצם, אני תיארתי את מה שקיבלתי כמכנסיים, דגמתי מזוג המכנסיים שתי דגימות, **לאחר מכן** (ההדגשה שלי - ז.ד.) פתחתי את שקית מאובטחת מס' 2 שמסומנת בין היתר גם 'אונס' ובה באמת היתה קופסה של ערכת אונס שהכילה מס' מטושים...". כלומר, גב' וינגרוד קודם כל דגמה את תחתוני (מכנסי על פי וינגרוד) הנאשם, ואחר כך את ערכת האונס. גם מספור המוצגים בחוות הדעת שהגישה גב' וינגרוד לבית המשפט (להלן חו"ד וינגרוד) תואם את עדותה – תחתוני (מכנסי על פי וינגרוד) החשוד הם מוצג 1, ואילו המטושים הם מוצגים 2.1, 2.2, 2.3 ו-2.4. (עמוד 2 בחו"ד וינגרוד).

על פי חו"ד וינגרוד, גם סדר ביצוע הגברת הדנ"א בתהליך PCR היה ראשית איפיון פרופיל ה-DNA מהתחתונים (סעיף 3 בעמ' 3 של חו"ד וינגרוד), ואז איפיון פרופיל ה-DNA מהמטושים (סעיף 4 בעמ' 3 של חו"ד וינגרוד).

סדר פתיחת השקיות והבדיקות במעבדה הוא קריטי. צפוי שעל תחתוני הנאשם יהיה דנ"א רב שלו עצמו ללא קשר למעשה בו הוא מואשם. פתיחת השקית במעבדה, הוצאת תחתוניו ולקיחת דגימות מהם, תפזר ברמת וודאות גבוהה דנ"א של החשוד בחלל המעבדה, על השולחן בו מתבצעת עבודת המעבדה, ועל ידיה/כפפות המומחית ועל חלוק המעבדה שלה. מרגע זה יש להתייחס אל המעבדה כמזוהמת בדנ"א החשוד. כאשר גב' וינגרוד סיימה את דגימת התחתונים ועברה לבדיקת המטושים, יש סיכון משמעותי ביותר לזיהום של המטושים. חשוב להדגיש שגם זיהום קל שבקלים הוא בעייתי ביותר, מכיוון שהשלב הבא בבדיקת המטושים הוא הגברת כמות הדנ"א הזכרי במידה וקיים כזה עליהם, בתהליך PCR. תהליך PCR יכול להתחיל ממולקולה אחת של כרומוזום Y אחד בלבד ולהגביר את איזורי ה-STR שנבדקים בהמשך לכמות של מיליארדי עותקים. על כן מספיק שמטוש 2.15, שבאמצעותו נדגם נרתיק המתלוננת, זוהם במעבדה במולקולה אחת של כרומוזום Y שמקורו בתחתוני החשוד, כדי לקבל תוצאה סופית של נוכחות דנ"א זכרי שלו על המטוש. בהקשר זה מעניין לציין שעל המטוש השני מערכת האונס ששימש לדגימת הפות של המתלוננת לא נמצא דנ"א זכרי, דבר התומך באפשרות של זיהום מטוש הנרתיק ולא בכך שהדנ"א הגיע לנרתיק במהלך אונס.

סדר הפעולות במעבדה היה חייב להיות הפוך ומופרד באופן טוטאלי בין מוצגים שנאספו מהחשוד למוצגים שנאספו מהמתלוננת. ראשית היו צריכים לעבור המטושים מערכת האונס את כל תהליך הבדיקה – מיצוי דנ"א, בדיקת ריכוזי הדנ"א, PCR, הכנסת תוצר ה-PCR למכשיר המדידה, וקבלת התוצאות. רק לאחר סיום כל

העבודה עם הדגימות מהמטושים וטיהור משטחי העבודה, המיכשור, וחלל החדר מדנ"א, היה נכון לפתוח שקית ובה מוצגים שנלקחו מהחשוד. אחרת, בכל אחד מהשלבים ניתן לזהם בטעות את תהליך בדיקת המטושים מהמתלוננת בדנ"א מהחשוד.

דרך העבודה במעבדת המשטרה במקרה זה היתה מנוגדת לסטנדרטים הבינלאומיים הבסיסיים ביותר בעבודת מעבדה פורנזית. ארגון ה Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGAM) הוא ארגון המאחד נציגים מרשויות החוק השונות בארה"ב ומעבדות פורנזיות בארה"ב. ראש הארגון ממונה על ידי ראש ה FBI וארגון זה הינו גורם בינלאומי מקובל לקביעת המלצות לדרכי פעולה נאותות ונהלים במעבדות פורנזיות (Guidelines). ה guidelines שלהם למניעת וזיהוי זיהומים במעבדות דנ"א פורנזיות

([SWGAM Contamination Prevention and Detection Guidelines for Forensic DNA Laboratories](#))

מפרטים כי זיהום במעבדה יכול לנבוע מהעברת דנ"א מאיש צוות (1.1.1), מראייה אחת לשניה (סעיף 1.1.3), ומסביבת המעבדה כגון משטחים, ציוד ומערכת אורור לראיית דנ"א (1.1.4).

נהלי ה SWGDAM מפרטים כיצד יש להימנע מזיהום - כולל הפרדה לאיזורי עבודה שונים בין הראיות מהסוגים השונים כמו במקרה זה (תחתוני הנאשם והמטושים שנלקחו מהמתלוננת), וכן שיש למנוע את תנועת צוות המעבדה באותו יום בין איזורים בהם מעובדות דגימות ייחוס או כאלה שיש בהן כמות דנ"א גדולה (תחתוני הנאשם עונים על שתי ההגדרות), לבין איזורים בהם מעובדות דגימות ראייתיות ובייחוד כאלה עם כמות דנ"א נמוכה (המטושים עונים על שתי ההגדרות).

בנוסף, מכיוון שבתהליך ה PCR מבוצעת הגברה משמעותית ביותר של כמות הדנ"א מהדגימה ממספר קטן של מולקולות למיליארדי עותקים, ההמלצות החד משמעיות הן להפרדה בין חדרי pre-PCR לחדרי post-PCR, ושיש להמנע מכניסת אותו איש צוות במהלך אותו יום מחדר pre-PCR לחדר post-PCR. במקרה זה לא ציינה המומחית בעדותה או בחוות דעתה את הפרדת הבדיקות ל pre-PCR - i post-PCR, ולא ברור האם ביצעה אותן בימים נפרדים כנדרש.

2) חו"ד וינגרוד ועדותה מציגות את התוצאות באופן שאינו הולם את הסטנדרטים הבינלאומיים לדיווח תוצאות התאמות דנ"א, ואף גובלת בהטעה.

בטבלת התוצאות בחו"ד וינגרוד, מתוארות 3 דגימות שעבורן התקבלה "התאמה למעורבים או פרטים נוספים" (טור 6 בטבלה). מצורפים כאן נתוני שלושת הדגימות הללו בלבד כפי שהם מופיעים בטבלה בחו"ד וינגרוד:

מספר שטף במאגר*	התאמה למעורבים או פרטים נוספים:	מספר פרטים בפרופיל	תוצאות בדיקות דנ"א ואופי הפרופיל שהתקבל	בדיקת נוזלי גוף:	מוצג	מספר מוצג (מספר דגימה)
	דוד אבידן קוינגטון ת"ז 023803299	1	פרופיל DNA יחיד ממקור זכרי	-	מכנסיים	1 (1S)
	דוד אבידן קוינגטון ת"ז 023803299	יותר מ 2	פרופיל DNA בולט ממקור זכרי מתוך תערובת	-	מכנסיים	1 (2S)
290075	דוד אבידן קוינגטון ת"ז 023803299	1	מאיפיון אתרים על כרומוזום Y התקבל פרופיל DNA יחיד ממקור זכרי	-	מטוש	2.1 (S)

לכאורה הטור השישי מראה שלוש התאמות למר דוד אבידן, שתיים מדגימות מהמכנסיים שלו (1S) ו- 1 (2S), והתאמה שלישית מהמטוש שאיתו נלקחה הדגימה מהמתלוננת (2.1 (S)). בפועל מדובר בהתאמות שונות בתכלית השינוי. שתי הדגימות הראשונות שנלקחו ממכנסי הנאשם, נבדקו בערכת 24Plex QS הבדוקת 21 אתרי STR ושני אתרים לזיהוי מין. בדיקה מסוג זה בודקת את רצף הדנ"א ב 21 אתרים המפוזרים על פני כרומוזומים שונים בדנ"א הגרעיני, ובנוסף שני אתרים על כרומוזומי המין. בדיקה כזו מבוצעת על כל

הכרומוזומים מאפשרת זיהוי התאמת דנ"א גרעיני חד-חד ערכית. במידה ויש התאמה בכל האתרים הגנומיים הללו בין דגימה מזירת פשע לבין דגימה של חשוד, הרי שהסיכוי שהדנ"א מהזירה אינו של החשוד (או של תאום זהה לו) קטן מ-1 לטריליון. במקרה שלנו, בשתי השורות הראשונות בהן מתוארות דגימות ממכנסי הנאשם (1S) ו-1 (2S) כתיבת שמו של הנאשם תחת הטור "התאמה למעורבים או פרטים נוספים" אכן מתארת התאמה חד-חד ערכית בין הדנ"א מהמכנסיים של הנאשם לדנ"א של הנאשם עצמו. ב- guidelines של SWGDAM לפרשנות של התאמות STR:

[SWGDM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories](#)

מוגדר כיצד יש לתאר התאמה מסוג זה (עמוד 37):

"The DNA typing results from multiple evidentiary items are consistent or inconsistent with originating from a common source(s)."

כלומר במקרה זה הדיווח צריך להיות: הדנ"א ממכנסי הנאשם ודנ"א הנאשם מגיעים מאותו מקור. בשורה השלישית בה מתוארות תוצאות בדיקת הדנ"א של המטוש (S) 2.1 שבעזרתו נבדקה המתלוננת נרשם שמו של דוד אבידן בדיוק באותו אופן כמו במקרה של דגימות המכנסיים תחת הטור "התאמה למעורבים או פרטים נוספים". אך כאן מדובר ב"התאמה" מסוג שונה לחלוטין. דגימות המטוש נבדקו בערכת YfilerPlus הדוגמת 27 אתרי STR שהם רק על כרומוזום ה-Y. מכיוון שכל אתרי STR בבדיקה זו נמצאים על אותו כרומוזום, ו-STR אלה הם לא בלתי תלויים זה בזה כמו בערכת הבדיקה הקודמת, הרי שמשמעות ה"התאמה" היא שונה מאוד מהתאמה חד-חד ערכית בין כרומוזום Y מהמטוש לכרומוזום Y של הנאשם. במקרה כזה יש לומר רק שלא ניתן לפסול את הנאשם כתורם של הדנ"א שעל המטוש, וזאת מכיוון שדנ"א זה יכול להיות שלו או של אנשים רבים אחרים. ב- guidelines של SWGDAM מוגדר כי יש לדווח תוצאה כזו כ (עמ' 37):
The known individual cannot be excluded (i.e., is included) as a possible contributor to the DNA obtained from an evidentiary item.

הכנסת שני דיווחי תוצאות כה שונים במהותם תחת אותה הגדרה בדיוק בטבלה של "התאמה למעורבים או פרטים נוספים" הינה מטעה ביותר. בעוד שתי הדגימות הראשונות ממכנסיו של דוד אבידן אכן מתאימות רק לדוד אבידן, הרי שהדנ"א הזכרי בבדיקת המטוש יכול להתאים גם לגברים רבים אחרים.

3) חו"ד וינגרוד ועדותה מציגות השוואה לבסיס נתונים ישראלי של פרופילי Y שאינו מדגם מייצג של האוכלוסייה בישראל, ובאופן שאינו תואם את הסטנדרטים הבינלאומיים.

בסעיף 5 בחו"ד וינגרוד מצוין כי: "פרופיל ה-DNA מכרומוזום ה-Y שהתקבל מהמטוש (מספר מוצג 2.1 דגימה S) הושווה לבסיס נתונים המכיל 5246 פרטים (2137 יהודים 2820 ערבים 289 אפריקאים). בבסיס הנתונים לא נמצאה אף התאמה."
המאגר אליו הושוותה הדגימה תמוה. הוא אינו מייצג את התפלגות האוכלוסייה הישראלית, ואין בחו"ד וינגרוד שום הסבר כיצד נבנה, מדוע נבחרו כך הדגימות, והאם המאגר מכיל קרובי משפחה (דבר שיפגע בו משמעותית).

בנוסף, אופן דיווח תוצאות ההשוואה אינו תואם את הסטנדרטים הבינלאומיים בכך שלא מתואר עד כמה המאגר מייצג את האוכלוסייה, ובכך שלא מוגדר גבול עליון להתאמה או מרווח אי וודאות עקב גודל המאגר. הסטנדרט הנ"ל מופיע ב- [SWGDM Interpretation Guidelines for Y-Chromosome STR Testing](#) בעמ' 9, סעיף 9.2.3). המטרה של בניית מאגרים כאלה בעולם היא בדיוק כדי להבין מה השכיחות של פרופילי Y שנמצא בזירת הפשע בתוך אוכלוסייה מסויימת, כלומר עד כמה פרופילי ה-Y שכיח או נדיר. בעדותה בבית המשפט מתארת גב' וינגרוד כיצד ביצעה את ההשוואה ומדוע (עמוד 130 שורה 13 ואילך): "הדרך המקובלת לנסח את, לבדוק בעצם את השכיחות של פרופיל שקיבלתי בכרומוזום Y היא על ידי ספירה של כמה פעמים הוא בעצם מופיע בתוך מדגם של אנשים".
מייד אחר כך היא מתארת שאכן זה מה שעשתה:
"במשטרת ישראל אנחנו עובדים עם מדגם של 5,246 פרטים, אני הכנסתי את הפרטים שקיבלתי, את הפרופיל שקיבלתי בעצם למאגר, לא למאגר סליחה, לבסיס הנתונים הזה, עשיתי השוואה ולא מצאתי אף התאמה בתוך המאגר הזה."

אבל אז היא מסייגת את דבריה, ובצדק, ואומרת: "בעצם זה לא יכול להשליך על השכיחות שלו באוכלוסיה אבל זה מה שעושים כאשר אנחנו מאפיינים פרופיל Y".
אכן, גם לדעתי, שימוש במאגר לא מייצג ודיווח של אפס התאמות ללא טווח אי וודאות, לא מאפשר להשליך על השכיחות של פרופיל Y באוכלוסיה באופן תקין.
ההשוואה שביצעה גב' וינגרוד למאגר לא מייצג, והדיווח שלה כי אין התאמות למאגר (ללא טווח אי וודאות), ביחד עם הקביעה כי יש התאמה לנאשם, יצר רושם מטעה ושגוי. זהו למעשה דיווח על שכיחות 0 של כרומוזום Y של הנאשם באוכלוסיה הישראלית, כך שכרומוזום Y שנמצא על המטוש ויש לו אותו רצף גנטי חייב אם כן גם להיות שלו. בעוד שהמסקנה הנכונה צריכה להיות רק שלא ניתן לפסול את הנאשם כמקור לכרומוזום Y שנמצא על המטוש (אך מקורו יכול להיות ממספר לא ידוע של זכרים אחרים).
המשפט האחרון שציטטתי של גב' וינגרוד מעלה חשש שזהו נוהג משטרתי שגוי ולא רק שגיאה של גב' וינגרוד עצמה - "בעצם זה לא יכול להשליך על השכיחות שלו באוכלוסיה אבל זה מה שעושים כאשר אנחנו מאפיינים פרופיל Y". בהקשר זה ראוי לציין כי בימים אלה ממש פועלת המדינה במשפט החוזר של רומן זדורוב כדי לערער על שימוש במאגר פרופילי דנ"א מיטוכונדריאלי כדי לקבוע שכיחות של פרופיל שנמצא בזירת הפשע. (דומה בעקרון למאגר כרומוזומי Y רק מגיע מהקו האמהי ולא האבהי).

(4) על פי חו"ד וינגרוד, לאחר ביצוע הבדיקות נארזו כל המוצגים ביחד, דבר שעלול לגרום להמשך אפשרות זיהום דגימות המטוש בדנ"א הנאשם, באופן שיקשה על ביצוע בדיקות חוזרות במידה וידרשו.
בסוף חו"ד וינגרוד נכתב כי: "המוצגים סומנו "זב/ 11-12167/22", נארזו בשקית מאובטחת P2016149 והוחזרו למשרד המוצגים של מז"פ". שמירת תחתוני הנאשם בהם ברור שיש דנ"א רב של הנאשם ביחד עם ערכת האונס משמעה המשך האפשרות של זיהום ערכת האונס בדנ"א של הנאשם.

חלק ב' – סקירת ההיתכנות להעברת כרומוזום Y בזמן עיסוי ממתפל למטופל:

התבקשתי על ידי הנאשם ובא כוחו, לענות למיטב ידיעתי המקצועית על ההיתכנות של מעבר כרומוזום Y מאדם לאדם בזמן עיסוי. **מסקנתי היא שבזמן עיסוי יש לצפות כי יעברו מיליוני כרומוזומי Y מהמעסה אל האדם שעליו מבוצע העיסוי.**

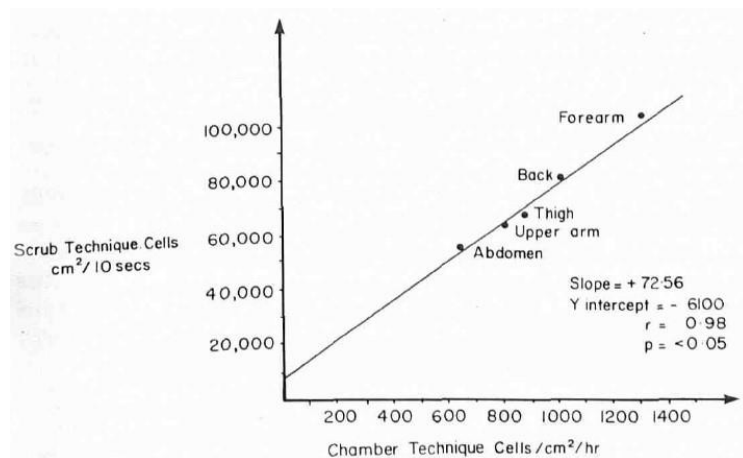
בפירוט:

בכל תא בגוף האדם (למעט תאי דם אדומים בוגרים שאין להם גרעין), קיים עותק מלא של הגנום האנושי, הכולל כרומוזום Y (אצל זכרים). באופן ספציפי גם בכל תא עור של זכר ישנו כרומוזום Y. מעריכים כי בסה"כ בשכבה החיצונית של העור, הקרויה אפידרמיס, יש כ- 176 ± 44 מיליארד תאים ועל כן מספר דומה של כרומוזומי Y (Bianconi et al., 2013). התאים באפידרמיס נוצרים בחלק הפנימי יותר שלו, והולכים ונדחפים עם התבגרותם כלפי החלק החיצוני של העור. כשהם בשכבה החיצונית ביותר הם מתייבשים, האחיזה שלהם נחלשת, והם נושרים מהגוף באופן ספונטני או במגע. התהליך מהיווצרות כל תא, דרך הנדידה, ההתבגרות, ההתיישנות והנשירה שלו אורך כעשרה שבועות בלבד (SF., 2000), כך שבכל יום נושרים מגוף האדם מאות מיליוני תאי עור.

מחקרים שונים בדקו בשיטות שונות כמה תאי עור נושרים מאדם ביום, והערכותיהם נעות בין 200 מיליון למיליארד תאי עור הנושרים בממוצע ביום מאדם ממוצע (Milestone, 2004).

מחקר נוסף השווה בין כמות תאי העור הנושרת באופן ספונטני לאורך שעות, לבין כמות תאי העור הנושרת בשפשוף קצר של עשר שניות (Roberts and Marks, 1980). כמו כן בדקו החוקרים במחקר זה את נשירת תאי העור מאיברים שונים. התוצאות הראו שבאופן ספונטני נושרים כ-1000 תאי עור לשעה מכל סנטימטר רבוע בגוף (עם סטיית תקן של כ-300), ואילו בשפשוף של 10 שניות של העור נושרים כ-100,000 תאים מכל סנטימטר רבוע בעור (עם סטיית תקן של כ-15,000), כלומר בשפשוף נושרים פי כ-36,000 תאים יותר מאשר באופן ספונטני.

מבין האיברים שנבדקו במחקר (אמה, זרוע עליונה, בטן, שוק, וגב), אמות הידיים הראו את הנשירה הגבוהה ביותר, גם באופן ספונטני וגם בשפשוף, פי כ-1.5 יותר מאשר באיברים אחרים. להלן גרף מהמאמר המסכם את התוצאות:



גרף מתוך Roberts and Marks, the journal of investigative dermatology. עבור כל איבר בגוף, מתואר בציר X מספר תאי העור שנשרו ממנו באופן ספונטני מס"מ רבוע במשך שעה, ובציר Y מתואר מספר תאי העור שנשרו מאותו איבר בשפשוף של עשר שניות מכל ס"מ רבוע.

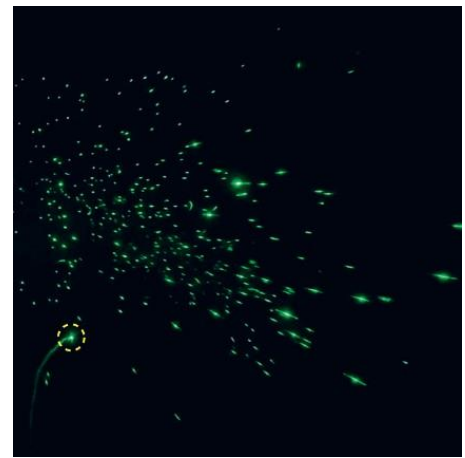
בהסתמך על נתונים אלו, ובהנחה ששטח המגע בידי ואמותיו של המעסה עולה על 100 סנטימטרים רבועים, ניתן להעריך כי בעיסוי ממוצע נושרים ממעסה ממוצע מיליוני תאי עור על המטופל, כלומר מיליוני כרומוזומי Y.

כמו כן, במידה והעיסוי מבוצע בחדר טיפולים קבוע ועל מיטת טיפולים קבועה, יש להניח כי לאורך השנים הצטברו (כתלות בתדירות ורמת הניקוי של מיטת הטיפולים ושל החדר) מיליוני תאי עור של המטפל על מיטת הטיפולים ובהם מיליוני כרומוזומי Y. דנ"א היא מולקולה יציבה מאוד שיכולה להישמר אפילו עשרות אלפי שנים. **לכן סביר מאוד להניח כי מטופל ששוכב על מיטת טיפולים יבוא במגע עם מיליוני תאי עור של המטפל גם ללא קשר למגע ישיר מצד המטפל.**

דרך נוספת אפשרית להעברת דנ"א מהמטפל למטופל היא דרך התזת רוק בדיבור, במיוחד כאשר בזמן מסאז' המטפל נמצא ישירות מעל המטופל. בתוך טיפונות הרוק נמצאים תאי אפיתל ותאי מערכת החיסון. תאים אלה נושרים בתוך טיפונות הרוק בזמן דיבור ממטפל הנמצא מעל המטופל ישירות על גופו של המטופל.

רוק בבני אדם מכיל כמויות גדולות מאוד של תאים. מסיבה זו דגימת רוק היא אחת השיטות הנפוצות ביותר כיום ללקיחת דנ"א למחקרים גנטיים.

מחקרים חדשים בדקו את כמות ונפח טיפונות הרוק הנפלטות בזמן דיבור, בעזרת מדידת פיזור אלומת לייזר עקב מעבר טיפונות רוק דרכו בזמן דיבור (Anfinrud et al., 2020; Stadnytskyi et al., 2020). התוצאות הראו כי בזמן דיבור נפלטות בממוצע כ-1000 טיפונות רוק בשניה, בנפח כולל של בין 2 ננוליטר ל-13 ננוליטר לשניית דיבור, וכל טיפונת כזו מכילה כ-תא אנושי אחד (Dawes, 2003) - כלומר **אדם פולט בזמן דיבור מפיו כ-1000 תאים בשניה**. על כן, במידה והמטפל מדבר מספר דקות במהלך הטיפול, יפלטו מאות אלפי תאים, כלומר מאות אלפי כרומוזומי Y, שסביר להניח שחלק לא מבוטל שלהם יבוא במגע עם המטופל.



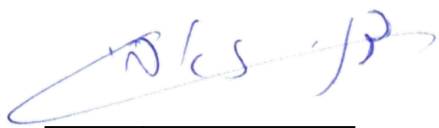
תמונה מתוך Anfinrud et al., 2020. פריים צילום ובו טיפונות רוק שנפלטו בזמן דיבור מוארות בלייזר.

לסיכום חלק ב' –

עיסוי הוא פעולה בה צפויות להיות מועברות כמויות עצומות של דנ"א ממטפל למטופל, שיכולות להגיע לכדי מיליוני עותקים של הגנום של המטפל, ובכללם מיליוני עותקים של כרומוזום Y (במידה והוא זכר). ההעברה מתבצעת בשלוש דרכים עיקריות – מגע ושפשוף מתמשך של ידיו של המעסה על המטופל, מגע מתמשך של המטופל במיטת הטיפול, וטיפונות רוק מיקרוסקופיות שנפלטות מפי המטפל בזמן דיבור כשהוא עומד מעל המטופל.

לאור זאת, במידה ובוצע במקרה זה מסאז' מתמשך בידיים חשופות של המטפל, ישירות על גוף המטופלת, על מיטת טיפולים השייכת למטפל ובחדר בו המטפל נוהג לעבוד, תוך דיבור של המטפל בזמן שהוא עומד מעל המטופלת, אני מעריך, ברמה גבוהה של וודאות, כי בסיום המסאז' היתה על המתלוננת כמות גדולה מאוד של דנ"א הכוללת מיליוני כרומוזומי Y שמקורם בנאשם. לאור זאת, תיתכן אפשרות סבירה להעברה משנית בהמשך.

הריני מצהיר בזאת, כי ידוע לי היטב, שלעניין הוראות החוק הפלילי בדבר עדות שקר בשבועה בבית המשפט, דין תעודה זו כשהיא חתומה על-ידי, כדין עדות בשבועה שנתתי בבית המשפט.

A handwritten signature in blue ink, appearing to be 'דני זאבי' (Dany Zabi), written over a horizontal line.

ד"ר דני זאבי

References:

- Anfinrud, P., Stadnytskyi, V., Bax, C.E., and Bax, A. (2020). Visualizing Speech-Generated Oral Fluid Droplets with Laser Light Scattering. *N. Engl. J. Med.* *382*, 2061–2063.
- Bianconi, E., Piovesan, A., Facchin, F., Beraudi, A., Casadei, R., Frabetti, F., Vitale, L., Pelleri, M.C., Tassani, S., Piva, F., et al. (2013). An estimation of the number of cells in the human body. *Ann. Hum. Biol.* *40*, 463–471.
- Dawes, C. (2003). Estimates, from salivary analyses, of the turnover time of the oral mucosal epithelium in humans and the number of bacteria in an edentulous mouth. *Arch. Oral Biol.* *48*, 329–336.
- Milstone, L.M. (2004). Epidermal desquamation. *J. Dermatol. Sci.* *36*, 131–140.
- Roberts, D., and Marks, R. (1980). The determination of regional and age variations in the rate of desquamation: A comparison of four techniques. *J. Invest. Dermatol.* *74*, 13–16.
- SF., G. (2000). *The Epidermis and the Origin of Cutaneous Structures* (Sunderland (MA): Sinauer Associates).
- Stadnytskyi, V., Bax, C.E., Bax, A., and Anfinrud, P. (2020). The airborne lifetime of small speech droplets and their potential importance in SARS-CoV-2 transmission. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* *117*, 11875–11877.

קורות חיים – ד"ר דני זאבי

טלפון: 054-4971984 Email: dzeevi@edu.hac.ac.il עדכון אחרון – נובמבר 2022

השכלה ותפקידים אקדמיים

2020 – נוכחי	ראש החוג לביוטכנולוגיה - המכללה האקדמית הדסה בירושלים
2018 – 2019	מדען אורח - המחלקה לגנטיקה של האדם, אוניברסיטת UCLA, ארה"ב
2014 – 2017	פוסט-דוקטורט - המחלקה לגנטיקה של האדם, אוניברסיטת UCLA, ארה"ב
2012 – 2013	פוסט-דוקטורט - המכון לגנומיקה אינטגרטיבית, אוניברסיטת פרינסטון, ארה"ב
2007 – 2012	דוקטורט - המחלקות לביולוגיה של התא ומדעי המחשב, מכון ויצמן
2004 – 2007	תואר שני בביולוגיה - מכון ויצמן
2001 – 2004	תואר ראשון במסלול משולב פיזיקה-ביולוגיה – אוניברסיטת ת"א

תפקידים רלוונטיים נוספים

2020 – 2022	חבר בדירקטוריון הרפואי של חברת Simplifyling – חברה המייעצת לחברות תעופה מסחריות
2019 – נוכחי	יועץ בתחום הגנטיקה, מפא"ת - זרוע המחקר ופיתוח של משרד הבטחון
2018 – נוכחי	מייסד ומנכ"ל – ג'נובטיקס בע"מ – חברה לפיתוח גילוי מוקדם של סרטן באמצעים גנטיים

מענקי מחקר

2021 - \$1,100,000 להקמת מרכז מצוינות לחקר הבסיס הגנטי של סוכרת סוג 1, ביחד עם שותפי המחקר פרופ' דוד צנגן (האוניברסיטה העברית), פרופ' אפרת לוי להד (המרכז הרפואי שערי צדק), ופרופ' ליאת דה וריס (המרכז הרפואי שניידר). המענק מטעם הקרן הלאומית למדע והאגודה למלחמה בסוכרת.

פרסומים מדעיים

פרופיל חוקר ב Google Scholar: <https://scholar.google.com/citations?hl=iw&user=vAAjVUMAAAAJ>

סוקר (Reviewer) בעיתונים המדעיים: PLOS One, EBioMedicine

רשימת מאמרים מדעיים (פרסומים מדעיים שעברו ביקורת עמיתים):

- 1) Cohen, Y, Bamberger, N, Mor, O, Walfisch, R, Fleishon, S, Varkovitzky, I, Younger, A, Levi, D O, Kohn, Y, Steinberg, D M, **Zeevi, D**, Erster, O, Mendelson, E, Livneh, Z. (2022) Effective bubble-based testing for SARS-CoV-2 using swab-pooling Clinical Microbiology and Infection

- 2) Erster O, Shkedi O, Benedek G, Zilber E, Varkovitzky I, Shirazi R, Oriya Shorka D, Cohen Y, Bar T, Yechieli R, Tepperberg Oikawa M, Venkert D, Linial M, Oiknine-Djian E, Mandelboim M, Livneh Z, Shenhav-Saltzman G, Mendelson E, Wolf D, Szwarcwort-Cohen M, Mor O, Lewis Y, **Zeevi D***. (2021)
Improved sensitivity, safety, and rapidity of COVID-19 tests by replacing viral storage solution with lysis buffer
PLOS One *Corresponding author
- 3) Karavani E, Zuk O, **Zeevi D**, Atzmon G, Barzilai N, Stefanis NC, Hatzimanolis A, Smyrnis N, Avramopoulos D, Kruglyak L, Lam M, Lencz T, Carmi S. (2019)
Screening human embryos for polygenic traits has limited utility.
Cell
- 4) **Zeevi D***, Bloom JS, Sadhu MJ, Ben Yehuda A, Zangen D, Levy-Lahad E, Kruglyak L. (2019)
Analysis of the genetic basis of height in large Jewish nuclear families
PLoS Genetics *Corresponding author
- 5) **Zeevi D**, Lubliner S, Lotan-Pompan M, Hodis E, Vesterman R, Weinberger A, Segal E. (2014)
Molecular dissection of the genetic mechanisms that underlie expression conservation in orthologous yeast ribosomal promoters.
Genome Research
- 6) Keren L, Zackay O, Lotan-Pompan M, Barenholz U, Dekel E, Sasson V, Aidelberg G, Bren A, **Zeevi D**, Weinberger A, Alon U, Milo R, Segal E. (2013)
Promoters maintain their relative activity levels under different growth conditions.
Molecular Systems Biology
- 7) Meyer P, Siwo G, **Zeevi D**, Sharon E, Norel R; DREAM6 Promoter Prediction Consortium, Segal E, Stolovitzky G. (2013)
Inferring gene expression from ribosomal promoter sequences, a crowdsourcing approach.
Genome Research
- 8) Dvir S, Velten L, Sharon E, **Zeevi D**, Carey LB, Weinberger A, Segal E. (2013)
Deciphering the rules by which 5'-UTR sequences affect protein expression in yeast.
PNAS
- 9) Shalem O, Carey L, **Zeevi D**, Sharon E, Keren L, Weinberger A, Dahan O, Pilpel Y, Segal E. (2013)
Measurements of the impact of 3' end sequences on gene expression reveal wide range and sequence dependent effects.

PLoS Computational Biology

- 10) Raveh-Sadka T, Levo M, Shabi U, Shany B, Keren L, Lotan-Pompan M, **Zeevi D**, Sharon E, Weinberger A, Segal E. (2012)
Manipulating nucleosome disfavoring sequences allows fine-tune regulation of gene expression in yeast.
Nature Genetics

- 11) Sharon E, Kalma Y, Sharp A, Raveh-Sadka T, Levo M, **Zeevi D**, Keren L, Yakhini Z, Weinberger A, Segal E. (2012)
Inferring gene regulatory logic from high-throughput measurements of thousands of systematically designed promoters.
Nature Biotechnology

- 12) Zeevi D, Sharon E, Lotan-Pompan M, Lubling Y, Shipony Z, Raveh-Sadka T, Keren L, Levo M, Weinberger A, Segal E. (2011)
Compensation for differences in gene copy number among yeast ribosomal proteins is encoded within their promoters.
Genome Research