

Изобретение относится к области животноводства, в частности к разведению и селекции свиней по воспроизводительным качествам, и может быть использовано для отбора животных на племенных и товарных фермах, в фермерских хозяйствах, а также при создании новых линий, семейств и внутрипородных типов свиней,

Известен также выбранный в качестве прототипа способ индивидуального отбора сельскохозяйственных животных, предусматривающий измерение общего уровня хромосомных нарушений, являющегося сводным показателем и выражаемого в виде суммы баллов. Баллы присваиваются за степень выраженности мутагенеза, способность клеток к самопроизвольным разрывам и ассоциативную способность хромосом. При этом учитывается вид распределения животных по каждому из показателей, а баллы присваиваются согласно среднему значению каждого распределения. Затем полученные баллы суммируются, причем, как установлено в способе, при сумме 7 и выше воспроизводительные качества животных снижены и их следует выбраковывать [1].

Однако и этот способ не обеспечивает определения качественно различных хромосомных нарушений, которые суммируются в виде баллов и не анализируются отдельно. При этом информация, которую несут качественно разные виды нарушений, теряется и поэтому животные, имеющие высокое многоплодие и низкую фертильность, могут выбраковываться из стада. В то же время известно, что первый из этих признаков наследуется. Следовательно, отсутствие в этом способе качественного анализа хромосомных нарушений приводит к неоправданной выбраковке ценных для воспроизводства животных и уменьшению достоверности отбора.

В основу изобретения поставлена задача усовершенствовать способ отбора свиней для воспроизводства стада так, чтобы обеспечить определение и анализ качественно различных видов хромосомных нарушений в отдельности, что позволит исключить неоправданную выбраковку ценных для воспроизводства животных и повысить достоверность отбора.

Поставленная задача решается тем, что в способе отбора свиней для воспроизводства стада, включающем измерение числа хромосомных нарушений в клетках крови, согласно изобретению измеряют отдельно геномные и структурные нарушения, определяют статистические параметры частот нарушений и их вероятностные распределения, находят критические значения частот нарушений в соответствии с конкретными хозяйственными требованиями выбраковки и для воспроизводства стада отбирают животных с частотами нарушений ниже критических значений.

Измерение отдельно геномных и структурных нарушений, определение статистических параметров частот нарушений и их вероятностных распределений с критическими значениями позволяет исключить неоправданную выбраковку ценных для воспроизводства животных и повысить достоверность отбора.

Осуществимость предлагаемого способа подтверждена примером.

Пример. У свиней берут кровь из ушной вены и вводят во флакон, содержащий гепарин. В пробе отделяют плазму путем центрифугирования или отстаивания. Отстоявшуюся плазму крови отбирают шприцем, стараясь забрать слой лейкоцитов, и вводят во флаконы с культуральной средой стандартного состава. Культивируют при 37°C 54-72 ч. За 1 ч до окончания культивирования во флаконы добавляют колхицин. По окончании культивирования содержимое флаконов центрифугируют, супернатант удаляют, а осадок обрабатывают гипотоническим раствором хлористого калия. После этого смесь центрифугируют и добавляют фиксатор - ледяную уксусную кислоту и метиловый спирт. Процедуру отмывки лейкоцитов фиксатором и центрифугирования повторяют несколько раз. После центрифугирования к осадку добавляют немного фиксатора и наносят каплю полученной суспензии на предметное стекло. Каплю высушивают и окрашивают методом Гимза.

Полученные препараты хромосом исследуют под световым микроскопом с иммерсионным объективом (с увеличением X1000) и в 30 клетках препаратов каждого животного отдельно определяют число геномных нарушений и структурных нарушений. Затем определяют частоты геномных и структурных нарушений как процентное отношение количества клеток с обнаруженными нарушениями к общему числу исследуемых клеток. После этого проводят статистический анализ полученных данных по следующему алгоритму. Определяют среднее и стандартное отклонение частот нарушений по всему стаду и по этим параметрам строят функции распределения вероятностей частот нарушений. Затем по текущему экономически оправданному в практике хозяйства уровню выбраковки стада находят критические значения частот нарушений на соответствующей (75-й) процент или построенных функций распределения. Все описанные математические процедуры выполняют с помощью стандартного набора программ для ЭВМ.

По найденным критическим значениям частот геномных и структурных нарушений проводят отбор свиней по многоплодию или фертильности соответственно, причем отбирают для воспроизводства указанных качеств животных с частотами меньше критических значений. Отбор свиней по указанным качествам основан на установленной в процессе исследований тесной коррелятивной зависимости частоты геномных нарушений с многоплодием, а структурных с фертильностью.

В таблице представлены частоты нарушений по небольшому стаду свиней, полученные предлагаемым способом, и соответствующие им данные зоотехнического учета многоплодия и фертильности. Там же приведены статистические параметры, необходимые для построения вероятностных функций распределения, и определенные по ним критические значения частот хромосомных нарушений, а также для сравнения с известным способом приведена общая частота нарушений (последняя колонка).

Согласно предлагаемому способу, для воспроизводства по многоплодию не подходят животные, помеченные в первой колонке таблицы символом \*, а по фертильности - символом \*\*, остальных животных необходимо оставить для воспроизводства стада по названным признакам. Если проводить браковку не годных для воспроизводства животных по общей частоте нарушений (последняя колонка), как в известном способе, то из стада следует изъять животных, помеченных символом # в первой колонке. При этом из воспроизводства неоправданно исключаются животные, которые могли бы улучшить показатели стада по многоплодию, т.е. №№ 4, 11, 13, подходящие для селекции. В то же время остаются для воспроизводства

животных с низким многоплодием, т.е. №№ 7, 9, 15.

**Зоотехнические показатели в сравнении с известным и предлагаемым способами**

номер животного	предлагаемый		известный		
	частота нарушений		многоплодие	фертильность	общая частота нарушений
	геномных	структурных			
1	8.0	8.0	10.7	77.7	16.0
2	2.2	8.7	11.0	70.0	10.9
3	2.0	10.0	11.2	77.0	12.0
# 4 **	13.0	14.0	10.0	73.5	27.0
5	10.5	8.0	10.5	63.6	18.5
6	6.0	2.0	10.7	90.0	8.0
7 *	14.0	2.0	9.4	88.8	16.0
# 8 *	21.0	3.0	9.0	87.5	24.0
9 *	14.0	4.0	9.4	88.8	18.0
10	3.3	3.3	11.4	88.9	6.6
# 11 **	6.7	18.4	11.1	78.1	25.1
# 12 ***	16.0	14.0	10.0	77.3	30.0
# 13 **	9.9	21.9	10.4	72.5	31.8
14	0.0	6.7	11.5	93.5	6.7
15 *	14.0	6.0	9.0	84.6	20.0
среднее	9.4	8.7			18.0
ст. откл.	6.03	6.05			8.27
критич. значение	13.4	12.7			23.6