

ИММУНОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ЛИНИЙ БУРОГО ШВИЦКОГО СКОТА

ГОНТОВ Михаил Елисеевич, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур»

РУСАНОВА Светлана Алексеевна, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур»

КОЛЬЦОВ Дмитрий Николаевич, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур»

ДМИТРИЕВА Валентина Ивановна, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур»

ОНУФРИЕВ Владимир Александрович, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур»

55

Животных бурой швицкой породы из племенных хозяйств Смоленской области дифференцировали по принадлежности к линиям и родственным группам. По общепринятой методике провели идентификацию по группам крови и с использованием маркерных аллелей ЕАВ-локуса установили генетическую структуру маточного поголовья каждой линии. Всего выделено 12 генеалогических линий. Количество аллелей в отдельных линиях составило от 15 до 53, что свидетельствует о необходимом наследственном разнообразии для совершенствования породы. В то же время наиболее распространенные в линиях маркеры $B_2O_3Y_2A_2E_2G^PQ^Y$, $I_1Y_2E_2G^IG^{G^P}$, $G_3O_1T_1Y_2E_3F_2G_{..}G_1O^{\wedge}$ и в несколько нивелируют различия между ними. Коэффициент генетического сходства r между линиями и родственными группами животных составляет от 0,20 до 0,90. Установлены межлинейные различия по молочной продуктивности коров.

Введение. Историческое понимание породы, рассматривающее ее, как развивающуюся совокупность животных, предусматривает создание, анализ эффективности использования и дальнейшее совершенствование её структурных единиц – линий и маточных семейств. Порода представляет единое целое, состоящее из отдельных структур – линий, каждая из которых должна иметь свои генетические и фенотипические особенности.

Метод разведения по линиям и его отдельные элементы зародились и стали применяться в коневодстве. Термины «линия» и «разведение по линиям» предложены Шапоружем и начали применяться сначала в Германии, а затем и в других странах.

Линией называется высокопродуктивная группа племенных животных, происходящих от выдающегося родоначальника и сходных по конституции и экстерьеру. Разведение по линиям является высшей формой работы с породой, и должно быть основным методом разведения скота в племенных хозяйствах. Сформированы следующие основные принципы работы с линией:

а) выделение выдающихся производителей, продолжающих линию после комплексной оценки по происхождению, индивидуальным качествам и потомству;

б) отбор маточного поголовья, соответствующего типу и производственному направлению линий;

в) подбор пар по принципу однородного (гомогенного) спаривания с сохранением типа линейных животных и их продуктивности; в подборе используют маток неродственных и родственных производителю, а также допускают инбридинг в степени не ближе III–III;

г) применение кроссов сочетающихся линий с последующим закреплением полученных комбинаций путем отбора и инбридинга на двух и более родоначальников;

д) выращивание молодняка в оптимальных условиях, кормление и содержание взрослого скота в соответствии с типом и продуктивностью животных.

В развитие учения о разведении по линиям большой вклад внесли многие отечественные и зарубежные ученые. Например, Д.А. Кисловский [8] считал, что сущность разведения по линиям состоит в расчленении породы на разнокачественные группы, в создании ее структуры и получении нового и более совершенного материала, а также показал, что общность групп животных, связанных сходством с родоначальником, должна постоянно поддерживаться определенными селекционными приемами.

АГРАРНЫЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

4
2020

По его мнению, для выполнения основных принципов работы с линиями необходимо поддерживать специфичность каждой линии в отдельности. В результате кроссов таких разнокачественных групп животных проявляется эффект гетерозиса.

На наш взгляд, генеалогическая структура, по которой оценивают состояние линии, является ненадежным критерием, так как она не всегда отражает ее генетическую структуру. Следовательно, при кроссах линий, в результате которых формируются новые генотипы животных, неизбежны ошибки, поэтому не будет получен ожидаемый селекционный эффект.

Важная роль в определении степени генетической индивидуальности каждой линии и сохранении ее в поколениях принадлежит генетическим маркерам, позволяющим беспристрастно оценивать генетическую ситуацию в стадах, породах и дифференцирующих ее группах – линиях и семействах [1, 3, 4, 11].

Селекция по хозяйствственно полезным признакам сопровождается изменениями в генетической структуре, как отдельных стад бурого швейцарского скота, так и породы в целом, что подтверждается результатами исследований с использованием иммуногенетического мониторинга [2, 5, 7].

Программа селекционно-племенной работы с бурой швейцарской породой крупного рогатого скота в Смоленской области предусматривает дальнейшее ее совершенствование разведением по линиям [10]. При создании породного типа «Смоленский» в генофонд линий были привнесены новые аллели, отсутствовавшие у местных животных, тем самым должна быть повышена генетическая изменчивость, а также степень генетической дифференциации линий бурого швейцарского скота. В связи с этим исследования по характеристике аллелофонда существующих линий и родственных групп, определению уровня их генетической дифференциации в племенных хозяйствах региона на современном этапе совершенствования породы с использованием в качестве генетических маркеров групп крови являются актуальными.

Основной целью наших исследований было изучение генетической дифференциации линий и родственных групп бурого швейцарского скота с использованием иммуногенетического мониторинга для использования в селекционной работе при линейном разведении.

Методика исследований. В ходе исследований решали задачи по генетической идентификации животных с использованием групп крови и последующим определением генотипов животных; дифференциации животных по принадлежности к линиям; определению генетической структуры выделенных групп и уровня генетического сходства между ними.

Исследования проводили в 2019 г. на базе лаборатории зоотехнологий Смоленского института сельского хозяйства – филиала Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр лубяных культур» в соответствии с планом научных исследований (гос. номер 0477-2019-0012-С-01; П. 156) и в племенных хозяйствах Смоленской области по разведению бурого швейцарского скота (им. Мичурина, «Талашкино-АгроЛ», «Дружба», «Новомихайловский», «Суворовский»). Группы крови и генотипы животных ($n = 3028$) определяли с учетом методических рекомендаций [12].

Принадлежность исследованных животных к определенной линии или родственной группе устанавливали на основании данных племенного учета, по карточке 1 – МОЛ. Проведение генетической экспертизы происхождения животных позволило сформировать генеалогические группы животными, у которых родословные подтверждены нами иммуногенетическим методом, что значительно повышает объективность результатов исследований.

Биометрическую обработку экспериментальных данных проводили с использованием методических указаний авторов [6, 9], компьютерной программы Excel пакета Microsoft.

При обработке материалов использовали следующие формулы.

1. Формула (1) – для подсчета частоты встречаемости ЕАВ-аллеля в группе животных:

$$q = \frac{P}{n}, \quad (1)$$

где q – частота аллеля; P – число данного аллеля; n – общее число всех аллелей в группе.

2. Формула (2) – для определения степени гомозиготности исследуемой группы животных в ЕАВ – локусе:

$$Ca = \sum p^2 \cdot 100, \quad (2)$$

где Ca – коэффициент гомозиготности, %; p – частота данного аллеля.

3. Формула (3) – для определения степени генетического сходства линий.

$$R = \sqrt[2]{p_i * q_i}, \quad (3)$$

где r – индекс генетического сходства; p_i, q_i – частоты идентичных аллелей.

Результаты исследований. В результате исследований установили, что маточное поголовье бурой швейцарской породы Смоленской области относится к 12 генеалогическим линиям и родственным группам: Азота – Пловца 196 ЗШ – 1064; Амура 3033 ЗШ – 1475; Баро 18 ЯШ – 259; Колоса 4252; Концентрата 106157; Ладди; Лэйрда ; Мастера 106902; Меридиана 90827; Пасто-

ра 65220 ЗШ – 1600; Сектора 4272 ЗКС – 0011 и Хилла 76059. Из них наиболее многочисленное потомство исследовано в линиях Меридиана (995 гол.), Лейрда (391 гол.), Мастера (377 гол.), Концентрата (336 гол.). Малочисленны линии Ладди (28 гол.), Баро (39 гол.), Сектора (46 гол.), Амура (45 гол.).

По аллелям ЕАВ -локуса определили аллелофонд структурных единиц породы на современном этапе селекции. У животных всех линий установлено 58 ЕАВ-аллелей, что свидетельствует о необходимом наследственном разнообразии для совершенствования породы. Количество всех выявленных аллелей в каждой отдельной линии составило от 15 (линия Ладди), до 53 (линия Меридиана), но из них в каждой линии получили наиболее широкое распространение только по 2–6 аллелей – маркеров родственных групп и линий. Эти маркерные ЕАВ-аллели, встречающиеся у 57–72 % животных всех линий представлены в табл. 1.

Например, в линии Азота-Пловца установлено 42 ЕАВ-аллеля, из них 4 аллеля: b, Г, I₁,

I₁Y₂E`₂G`Г`G``₁ встречаются с частотой 0,585. Их можно считать маркерами линии. Частота остальных 38 аллелей составляет 0,415. Некоторые маркеры получили широкое распространение не в одной, а в нескольких линиях. Так ЕАВ-аллели B₂O₃Y₂A`E`₂G`P`Q`Y` и G₃O₁T₁Y₂E`₃F`₂G``₂ – в 7 линиях, I₁Y₂E`₁G`Г`G``₁ и G₁O` – в 5 линиях, b – в 9 линиях. Генетический материал, маркируемый идентичными аллелями в разных линиях, также идентичен, что значительно нивелирует генетические различия между линиями.

У 65 % линий животных, из 58 выявленных ЕАВ-аллелей, наиболее распространены только 7, из которых 2 аллеля – G₁O` и b унаследованы от бурых швицев смоленской селекции, остальные 5 (B₂O₃Y₂A`E`₂G`P`Q`Y`, I₁Y₂E`₁G`Г`G``₁, G₃O₁T₁Y₂E`₃F`₂G``₂, B₁P₂Y₂G`Y`, B₂G₂KY`E`₁F`₂O`G``₁) унаследованы от носителей этих аллелей – быков-производителей бурой швицкой породы американской селекции и их потомков, которых интенсивно используют для улучшения продуктивных и технологических качеств бурых швицких коров.

Таблица 1

Маркерные ЕАВ-аллели линий и родственных групп бурой швицкой породы

Линия	n	ЕАВ-аллелей в линии	В том числе с частотой более 5 %			Степень гомозиготности линии, Ca
			n	маркеры линий	частота встречаемости	
Азота-Пловца	117	42	4	b, Г, I ₁ , I ₁ Y ₂ E` ₁ G`Г`G`` ₁	0,585	10,4
Амура	45	24	5	b, B ₂ O ₃ Y ₂ A`E` ₁ G`P`Q`Y`, Г, I ₁ E` ₃ G`G`` ₁ , I ₁ Y ₂ E` ₁ G`Г`G`` ₁	0,656	12,6
Баро	39	21	6	b, B ₁ G ₂ KE` ₁ F` ₂ O`, B ₂ G ₂ QT ₁ A` ₁ P`, B ₁ I`Q', G ₁ O`, I ₁	0,718	13,3
Колоса	153	30	4	B ₁ P ₂ Y ₂ G`Y`, B ₂ O ₃ Y ₂ A` ₂ E` ₁ G`P`Q`Y`, G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂ , O ₁	0,667	16,0
Концентрата	336	50	3	B ₂ G ₂ KY`E` ₁ F` ₂ O`G`` ₁ , B ₂ O ₃ Y ₂ A` ₂ E` ₁ G`P`Q`Y`, G ₁ O`	0,615	14,0
Ладди	28	15	4	b, B ₂ G ₂ KO ₃ Y ₂ A` ₂ B`G`K`O`Y`G`` ₁ , B ₂ G ₂ KY`E` ₁ F` ₂ O`G`` ₁ , G ₁ O`	0,696	19,7
Лэйрда	391	51	4	b, B ₁ P ₂ Y ₂ G`Y`, B ₂ O ₃ Y ₂ A` ₂ E` ₁ G`P`Q`Y`, G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂	0,702	16,6
Мастера	377	48	4	b, B ₁ G ₂ KE` ₁ F` ₂ O`, B ₂ G ₂ KY`E` ₁ F` ₂ O`G`` ₁ , G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂ , I ₁ Y ₂ E` ₂ Г`Г`G`` ₁	0,703	13,0
Меридиана	995	53	5	b, B ₂ O ₃ Y ₂ A` ₂ E` ₂ G`P`Q`Y`, G ₁ O`` ₁ , G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂ , I ₁ Y ₂ E` ₁ Г`Г`G`` ₁	0,566	9,2
Пастора	229	39	5	b, B ₂ O ₃ Y ₂ A` ₂ E` ₂ G`P`Q`Y`, G ₁ O`` ₁ , G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂ , I ₁ O ₁ QA` ₁	0,721	10,7
Сектора	46	21	2	b, G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂	0,707	19,6
Хилла	272	52	4	b, G ₂ O ₂ E` ₂ I`, G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂ , I ₁ Y ₂ E` ₁ Г`Г`G`` ₁	0,671	14,5
Все линии	3028	58	6	b, B ₁ P ₂ Y ₂ G`Y`, B ₂ G ₂ KY`E` ₁ F` ₂ O`G`` ₁ , B ₂ O ₃ Y ₂ A` ₂ E` ₂ G`P`Q`Y`, G ₁ O`, G ₃ O ₁ T ₁ Y ₂ E` ₃ F` ₂ G`` ₂ , I ₁ Y ₂ E` ₁ Г`Г`G`` ₁	0,650	8,2



Коэффициент гомозиготности (Ca) отражает степень консолидации наследственного материала в родственных группах и линиях, но не размах наследственной изменчивости. В линиях бурой швицкой породы наиболее консолидированными оказались линии Сектора ($Ca = 19,6$), подавляющее количество потомков которого (70 %) являются носителями двух аллелей из 21, установленного в линии, и Ладди ($Ca = 19,7$). Также более высокой степенью гомозиготности характеризуются группы животных: Концентрата ($Ca = 14,0$), Баро ($Ca = 13,3$), Колоса ($Ca = 16,0$), Лэйрда ($Ca = 16,6$), Мастера ($Ca = 13,0$), Пастора ($Ca = 10,7$, Азота-Пловца ($Ca = 10,4$), Меридиана ($Ca = 9,2$). Самым низким оказался коэффициент гомозиготности в среднем по всем линиям ($Ca = 8,2$).

Коэффициент генетического сходства r , рассчитанный по частотам ЕАВ-аллелей, отражает уровень генетического сходства или различий между сравниваемыми группами животных (табл. 2).

По уровню генетического сходства родственные группы и линии бурой швейцкой породы дифференцировали на 3 группы.

1. Наиболее низкий индекс сходства ($r \leq 0,70$) с другими родственными группами и линиями быков имеют родственные группы Амур, Баро и Ладди. При этом минимальный показатель сходства ($r = 0,20$) имеют между собой линии Амур и Ладди.

2. Более близкими по генетической структуре ($r = 0,70-0,90$) оказались следующие генеалогические группы животных:

Азота-Пловца и Баро, Концентрата, Мастера,
Меридиана, Хилла.

Колоса и Концентрата, Лейрда, Меридана.

Концентрата и Лэйрда, Мастера, Меридана,
Пастора, Сектора, Хилла.

Лэйрда и Мастера, Меридиана, Пастора, Сектора, Хилла.

Меридиана и Пастора, Сектора, Хилла.

Сектора и Хилла.

3. Максимальное сходство ($r = 0,90$) имеют линии Концентрат и Меридиана. У животных этих родственных групп выявлен почти весь спектр ЕАВ-allelей, встречающихся в породе.

В зависимости от линейной принадлежности изучали молочную продуктивность коров бурой швицкой породы крупного рогатого скота (табл. 3). Лучшие показатели по первой лактации имеют коровы линий Лейрда, Мастера, Меридиана и Концентрата, которые по величине удоя за 305 дней лактации, по качественным показателям молока, выходу молочного жира и белка достоверно превосходят средние данные по всем линиям. Судя по количеству выявленных ЕАВ-аллелей (48–53), уровень генетического разнообразия в этих линиях более высокий, чем в других группах.

Например, от 376 первотелок линии Лейр-да надоили за 305 дней лактации в среднем по 4947 кг молока с содержанием жира 3,97 % и содержанием белка 3,34 %, что позволило получить 196 кг молочного жира и 165 кг молочного белка. Эти показатели достоверно превышают средние показатели молочной продуктивнос-

Таблица 2

Индексы генетического сходства между линиями и родственными группами бурой швицкой породы

Молочная продуктивность коров бурой швицкой породы в зависимости от линейной принадлежности (первая лактация)

Линия или родственная группа	n	Удой, кг	Молочный жир		Молочный белок	
			%	кг	%	кг
Лэйрда	376	4947±42***	3,97±0,01*	195,8±1,7***	3,34±0,01	165,0±1,5***
Мастера	332	4488±46***	4,09±0,02***	182,2±2,0***	3,39±0,01***	151,4±1,6***
Концентрата	280	4296±59	3,95±0,01	168,2±2,6	3,35±0,01**	152,2±2,0***
Меридиана	849	4255±35	3,96±0,01	167,4±1,6	3,3±50,01	146,3±1,3
Хилла	264	4164±48	3,96±0,01	161,7±2,0*	3,35±0,01*	138,2±1,7**
Пастора	221	3982±43***	3,85±0,01***	153,5±1,8***	3,35±0,01**	133,3±1,5***
Амура	44	3975±80***	3,82±0,03**	152,0±3,3***	3,3±50,03	133,1±2,7***
Ладди	28	3918±96***	3,8±50,03***	148,4±4,3***	3,35±0,02	129,3±3,8***
Сектора	44	3537±98***	3,73±0,04***	130,0±3,3***	3,19±0,03***	111,3±3,0***
Колоса	140	3529±43***	3,90±0,02	137,4±1,8***	3,27±0,01***	115,5±1,4***
Азота-Пловца	102	3338±60***	3,71±0,02***	120,8±2,3***	3,23±0,02***	108,±2,5***
Баро	39	3033±68***	3,68±0,04***	107,0±3,7***	3,15±0,02***	97,1±2,1***
В среднем	2719	4243±16	3,94±0,005	166,3±0,8	3,32±0,004	143,6±0,6

*** $P \leq 0,001$; ** $P \leq 0,01$; * $P \leq ,05$ – по сравнению со средними показателями.

ти всех включенных в обработку животных: по удою – на 2228 кг, по содержанию жира в молоке – на 0,03 %, белка – на 0,03 %, выходу молочного жира – на 29,5 кг, молочного белка – на 21,4 кг. Коэффициент гомозиготности линий высокий и составляет 16,6 %. Животные остальных линий имеют показатели молочной продуктивности ниже, чем в среднем по всем линиям.

Невысокую молочную продуктивность имеют коровы генеалогических групп Баро, Азота-Пловца и родственной группы Колоса с удоем 3033–3529 кг молока по первой лактации. Поэтому сокращается в этих линиях численность маточного поголовья.

Заключение. В результате анализа генетической структуры линий и родственных групп быков бурой швицкой породы крупного рогатого скота с использованием групп крови ЕАВ-локуса в качестве генетических маркеров установили уровень генетической дифференциации структурных единиц на современном этапе совершенствования породы. Кроме того, определили генетические маркеры линий, выявили генеалогические группы животных с вы-

соким, умеренным и низким уровнем сходства между ними. Выявили различия линий и родственных групп по показателям молочной продуктивности.

Для более полной реализации имеющегося генетического потенциала молочной продуктивности бурого швицкого скота необходимо с использованием генетических маркеров поддерживать имеющийся уровень дифференциации генетически отличающихся линий, проводить селекционную работу на поддержание более существенного генетического различия между сходными линиями внутрилинейным разведением. При кроссах линий учитывать уровень выявленного генетического сходства между линиями и родственными группами. Так как большинство линий являются генеалогическими необходимо создавать качественно новые заводские линии быков-производителей бурой швицкой породы.

Результаты исследований можно использовать в оптимизации селекционного процесса бурой швицкой породы крупного рогатого скота для сохранения и мобилизации собственных генетических ресурсов.



СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Анисимова Е.И. Иммуногенетические показатели в селекции крупного рогатого скота симментальской породы // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. – 2019. – № 4. – С. 398–406.
 2. Генетический контроль селекционных процессов в популяции бурого швицкого скота с использованием маркерных генов групп крови / М.Е. Гонтов [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 4. – С.17–20.
 3. Гомо- и гетерозиготность популяции скота смоленского типа бурой швицкой породы / М.Е. Гонтов [и др.] // Аграрный научный журнал. – 2019. – № 10. – С.17–20.
 4. Гонтов М.Е. Использование групп крови В-системы в качестве генетических маркеров при совершенствовании линий Леванта и Ликера сычевского скота: автореф. дис. ... канд. с.-х. наук. – Дубровицы, 1985. – 24 с.
 5. Группы крови и их использование в работе со стадом ЗАО им. Мичурина / Д.Н. Кольцов [и др.] // Генетика и разведение животных. – 2016. – № 4. – С. 47–51.
 6. Животовский Л.А. Методические рекомендации по статистическому анализу иммуногенетических данных для использования в селекции животных. – Дубровицы: ВНИИЖ, 1974. – 30 с.
 7. Иммуногенетический мониторинг при выведении и совершенствовании типа «Смоленский» бурого швицкого скота в Смоленской области / М.Е. Гонтов [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2011. – № 3. – С. 54–56.
 8. Кисловский Д.А. Избранные сочинения. – М.: Колос, 1965. – 534 с.
 9. Плохинский Н.А. Биометрия. – М.: Изд-во Моск. ун-та, 1970. – 367 с.
 10. Программа селекционно-племенной работы с бурой швицкой породой крупного рогатого скота в Смоленской области на 2013–2022 годы / В.К. Чернушенко [и др.]. – Смоленск: Принт-Экспресс, 2014. – 182 с.
 11. Система иммуногенетических маркеров при совершенствовании новых молочных типов бурого швицкого и сычевского скота / В.К. Чернушенко [и др.]. – Смоленск: Смоленская городская типография, 2010. – 47 с.
 12. Сороковой П.Ф. Методические рекомендации по исследованию групп крови в селекции крупного рогатого скота. – Дубровицы, 1974. – 40 с.
- Гонтов Михаил Елисеевич**, канд. с.-х. наук, доцент, ведущий научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур». Россия.
- Русанова Светлана Алексеевна**, научный сотрудник, Федеральное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур». Россия.
- Кольцов Дмитрий Николаевич**, канд. с.-х. наук, доцент, ведущий научный сотрудник, Федеральное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур». Россия.
- Дмитриева Валентина Ивановна**, канд. с.-х. наук, доцент, ведущий научный сотрудник, Федеральное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур». Россия.
- Онуфриев Владимир Александрович**, канд. вет. наук, доцент, старший научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур». Россия.
- 214025, г. Смоленск, ул. Нахимова, 21.
Тел.: (4812) 66-29-41.
- Ключевые слова:** крупный рогатый скот; бурая швицкая порода; линия; группы крови; генетический маркер.

IMMUNOGENETIC ANALYSIS OF BROWN SCHWYZ CATTLE LINES

Gontov Mikhail Eliseevich, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Leading Researcher, Federal Centre for Fiber Crops. Russia.

Rusanova Svetlana Alekseevna, Researcher, Federal Centre for Fiber Crops. Russia.

Koltsov Dmitriy Nikolaevich, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Leading Researcher, Federal Centre for Fiber Crops. Russia.

Dmitrieva Valentina Ivanovna, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Leading Researcher, Federal Centre for Fiber Crops. Russia.

Onufriev Vladimir Aleksandrovich, Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor, Senior Researcher, Federal Centre for Fiber Crops. Russia.

Keywords: cattle; brown Schwyz breed; line; blood types; genetic marker.

Animals of brown Schwyz breed from pedigree farms of the Smolensk region were differentiated by their belonging to lines and related groups. Identification by blood groups was carried out according to the generally accepted technique, and the genetic structure of the uterine population of each line was established using marker alleles of the EAB locus; 12 genealogical lines were identified. The number of alleles in individual lines ranged from 15 to 53, which indicates the necessary hereditary diversity for improving the breed. At the same time, the most common B2O3Y2A`2E`2G`P`Q`Y`, I1Y2E`2G`I`G``1, G3O1T1Y2E`3F`2G``, G1O` and b markers somewhat offset the differences between them. The coefficient of genetic similarity r between lines and related groups of animals ranges from 0.20 to 0.90. Interlineal differences in milk production of cows were established.