

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH

Fakulta zemědělská

Studijní program: B4131 Zemědělství

Studijní obor: Agroekologie

Zadávací katedra: Katedra zootechnických a veterinárních disciplín a kvality produktů

Vedoucí katedry: doc. Ing. Miroslav Maršálek, CSc.

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Genetická diverzita vybraných plemen koní

Vedoucí bakalářské práce: prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.

Autor: Tereza Jankovská

České Budějovice, duben 2014

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
Fakulta zemědělská
Akademický rok: 2012/2013

ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE
(PROJEKTU, UMĚLECKÉHO DÍLA, UMĚLECKÉHO VÝKONU)

Jméno a příjmení: **Tereza JANKOVSKÁ**
Osobní číslo: **Z11167**
Studijní program: **B4131 Zemědělství**
Studijní obor: **Agroekologie**
Název tématu: **Genetická diverzita vybraných plemen koní**
Zadávací katedra: **Katedra genetiky, šlechtění a výživy**

Zásady pro vypracování:

Úkolem bakalářské práce je zpracovat literární rešerši, přinášející poslední vědecké poznatky o genetické diverzitě koní. Součástí práce bude stručné shrnutí vybraných metodických otázek hodnocení diverzity, dále potom současný stav ochrany genových zdrojů koní v České republice.

Práce bude členěna do kapitol:

- 1) úvod
- 2) literární přehled
- 3) závěr - shrnutí zjištěných výsledků, formulace doporučení pro ochranu genetické diverzity koní v ČR.

Při zpracování práce budou dodržena obvyklá formální pravidla.

Rozsah grafických prací: 3 - 5 tabulek
Rozsah pracovní zprávy: 30 stran textu
Forma zpracování bakalářské práce: tištěná/elektronická
Seznam odborné literatury:

Barcaccia G., Felicetti M., Galla G., Capomaccio S., Cappelli K., Albertini E., Buttazzoni L., Pieramati C., Silvestrelli M., Supplizi A. V. (2013): Molecular analysis of genetic diversity, population structure and inbreeding level of the Italian Lipizzan horse. *Livestock Science*, 151, 124-133.
Warmuth V., Manica A., Eriksson A., Barker G., Bower M. (2013): Autosomal genetic diversity in non-breed horses from eastern Eurasia provides insights into historical population movements. *Animal Genetics*, 44, 53-61.
Bokor A., Jonas D., Ducro B., Nagy I., Bokor J., Szabari M. (2013): Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. *Livestock Science*, 151, 1-10.

Vedoucí bakalářské práce: prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.
Katedra genetiky, šlechtění a výživy

Datum zadání bakalářské práce: 27. března 2013

Termín odevzdání bakalářské práce: 15. dubna 2014



prof. Ing. Miroslav Šoch, CSc.
děkan



L.S.



prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.
vedoucí katedry

V Českých Budějovicích dne 27. března 2013

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem svoji bakalářskou práci na téma „Genetická diverzita vybraných plemen koní“ vypracovala samostatně pouze s použitím literatury uvedené v seznamu použité literatury.

V Českých Budějovicích dne..... Podpis studenta.....

Poděkování

Ráda bych vyjádřila poděkování prof. Ing. Jindřichu Čítkovi, CSc. Za odborné vedení bakalářské práce, rady a připomínky, které mi trpělivě poskytoval při jejím zpracování.

Dále bych poděkovala všem, kteří mi pomáhali, poskytovali informace a rady k vypracování bakalářské práce.

Nakonec bych chtěla poděkovat svému příteli, rodině a přátelům za podporu, kterou mi věnovali za dobu mého studia.

Anotace

Cílem práce je přinést poznatky o genetické diverzitě koní, hodnocení diverzity, současný stav ochrany genových zdrojů. Nejdříve jsou popisovány historie, domestikace koní, plemena a biodiverzita. Z genetické stránky jsou popisovány genetická diverzita, mikrosatelity, markery, mitochondrie. Dále jsou popisovány genetické zdroje, jejich ochrana, uchování, dnešní stavy koní a jejich vývoj.

Klíčová slova: domestikace koní, historie koní, biodiverzita, mikrosatelity, mitochondrie, markery, genetické zdroje, národní program.

Abstract

The objective of the thesis is to clarify the findings about genetical biodiversity of horses, evaluation of the diversity and description of current state of genetic resources preservation. Firstly, the history is described, domestication of horses, breeds and biodiversity. From the genetic point of view, the thesis contains description of the genetical diversity, microsatellites, markers and mitochondria. There are described genetic sources and their preservation. Current quantities and their progress are also mentioned.

Keywords: domestication of horses, history of horses, biodiversity, microsatellites, mitochondria, markers, genetic resources, national program.

Obsah

Obsah.....	4
1. Úvod	8
2. Literární přehled.....	9
2.1 Klasifikace a historie koně	9
2.1.1 Klasifikace koně	9
2.1.2 Původ koně.....	9
2.1.3 Domestikace koně	11
2.2 Rozdělení plemen.....	13
2.2.1 Základní dělení plemen podle stupně prošlechtění	13
2.2.2 Podle fylogenetického původu se koně dají rozdělit do čtyř skupin	14
2.3 Předkové dnešních koní.....	15
2.3.1 Kůň Przewalského (Kertak).....	15
2.3.2 Tarpan	17
2.3.3 Kůň západní lesní – okcidentální.....	18
2.3.4 Kůň nordický – severský	18
2.4 Biodiverzita	18
2.4.1 Definice biodiverzity	18
2.4.2 Genetická diverzita.....	19
2.4.3 Měření druhové rozmanitosti.....	21
2.4.4 Faktory ovlivňující diverzitu	23
2.4.5 Genetická variabilita a její charakteristika a význam.....	23
2.5 Využití molekulární genetiky v hodnocení zvířat.....	25
2.5.1 Genetické markery, charakteristika a rozdělení markerů	25
2.5.2 Využití markerů v selekci.....	26
2.5.3 Mikrosatelity	26
2.5.4 Využití mikrosatelitní DNA v genetických studiích	27
2.5.5 Mitochondrie, mitochondriální analýzy	29

2.5.6	Charakteristika equinní mtDNA a její využití	29
2.5.7	Metody hodnocení genetické diverzity hospodářských zvířat	30
2.6	Národní program, genetické zdroje zvířat	33
2.6.1	Plemenné knihy, plemenářská práce	33
2.6.2	Národní program ochrany, konzervace a využití genetických zdrojů	35
2.6.3	Hodnocení Národního programu	36
2.6.4	Financování Národního programu	36
2.6.5	Genetické zdroje a jejich význam	37
2.7	Monitorování genetických zdrojů a jejich zařazení do ochrany	38
2.7.1	Genetické zdroje České republiky a opatření na jejich ochranu a využívání	38
2.7.2	Mezinárodní a regionální organizace a smlouvy	40
2.8	Genetická variabilita koní	41
2.8.1	Genetická variabilita plemen koní Národního programu genetických zdrojů	41
2.9	Starokladrubský kůň	44
2.9.1	Charakteristika a ochrana genového zdroje	44
2.9.2	Historie plemene	44
2.9.3	Charakteristika plemene	46
2.9.4	Zařazování jedinců do Národního programu uchování a využívání genetických zdrojů zvířat	47
2.9.5	Uchování in situ	47
2.9.6	Struktura populace a chov starokladrubského koně	47
2.10	Huculský kůň	49
2.10.1	Stav populace huculského koně	50
2.10.2	Plemenitba a šlechtění	51
2.10.3	Udržování huculského koně	51
2.11	Českomoravský belgický kůň	52
2.11.1	Charakteristika plemene	53
2.11.2	Uchování in situ	54

2.11.3	Uchování ex situ	54
2.12	Slezský norický kůň	55
2.12.1	Charakteristika plemene	56
2.12.2	Uchování in situ	56
2.12.3	Uchování ex situ	57
2.13	Plemena koní a vývoj stavu koní v České republice	57
3	Závěr	60
4	Literární přehled	61

1. Úvod

Koně se naší planetě objevili už před 60 miliony. Prošli řadou vývojových etap. Abychom rozluštili tento pochod evoluce, poslouží nám k tomu genetika.

Biodiverzita neboli biologická rozmanitost je všude kolem nás. Vztahuje se k rozmanitosti životních forem, výsledků evoluce, které se vyskytují v přírodě. V Riu de Janeiru bylo zasedání, kde se projednávala ochrana biodiverzity. Do této biodiverzity patří nejen volně žijící zvířata, ale i genetické zdroje hospodářských zvířat. Předmětem ochrany jsou málopočetná plemena. Důvody jsou rozmanité. Může jít o historické, kulturní, ekologické. Dále třeba zachování rezervoáru těch alel a genů, které byly u vysoce produktivních plemen eliminovány. Aby tato plemena přežila, je nutné udržet jejich genetickou variabilitu, neboť plemena díky jednosměrnému produktivnímu křížení ztrácí svoje jedinečné vlastnosti. K tomuto zachování jsou rozpracovány různé chovatelské postupy, které jsou podrobeny genetické analýze. K jejich zachování mohou sloužit polymorfní genetické markery. Ty slouží jako základ pro vytvoření strategií na zachování jejich genetické variability.

V České republice jsou do genetických zdrojů zařazena tato plemena: teplokrevná - starokladrubský kůň, huculský kůň, chladnokrevná – českomoravský belgický kůň, slezský norik.

2. Literární přehled

2.1 Klasifikace a historie koně

2.1.1 Klasifikace koně

Říše:	živočichové	(<i>Animalia</i>)
Kmen:	strunatci	(<i>Chordata</i>)
Podkmen:	obratlovci	(<i>Vertebrata</i>)
Třída:	savci	(<i>Mammalia</i>)
Řád:	lichokopytníci	(<i>Perissodactyla</i>)
Čeleď:	koňovití	(<i>Equidae</i>)
Rod:	kůň	(<i>Equus</i>)

2.1.2 Původ koně

Na naší planetě se koně poprvé objevili už někdy před 60 miliony lety, v hloubi třetihor. Byli na Zemi dříve než lidé.

Kůň je savec, u kterého se našla nepřerušovaná vývojová řada jeho předků, od původní formy až po dnešního koně. Kompletní vývojová řada byla nalezena v Severní Americe, zatímco v Evropě byly nalezeny pouze některé z jeho vývojových forem. Z toho se usuzuje, že má svůj původ v Americe a poté se rozšířil do Asie a z ní do Evropy.

Eohippus

Kůň se vyvinul ze zvířete zvaného *Eohippus*, které se svojí velikostí podobalo spíše lišce, nežli koni. Zvíře mělo krátkou hlavu s chrupem, který měl 44 zubů. Krk krátký, hřbet klenutý, karpální a tarzální klouby byly nízko u země, celé končetiny byly již relativně dlouhé. Na předních nohách měl *Eohippus* pět prstů, z nich čtyři, které se nedotýkaly země, měly kopýtka. Palec se již země nedotýkal, a proto kopýtka zakrněla. Na zadních nohou bylo také pět prstů, ale pouze tři z nich, které se dotýkaly země, měly kopýtka (Štrupl et al., 1983). Pohyboval se skrytě, avšak nenapadal a nepožíral druhé živočichy. Živil se výhradně rostlinnou stravou – šťavnatými listy, mladými výhonky (Mahler, 1995).

V následujících geologických období se z *Eohippa* vytvářela a vznikala dlouhá řada předků koně, kteří se od sebe odlišovali vlastnostmi, tělesnými tvary a velikostí. Mezi nejdůležitější formy z vývojové řady předků koně patří: *Orohippus*, *Mesohippus*, *Miohippus*, *Meryhippus*, *Neohipparion*, *Pliohippus*, *Pleshippus*, *Eguus*.

Orohippus

Orohippus žil ve středním oceánu. *Eohippovise* velmi podobal. Byl o trochu větší, hlavu měl delší a zvláště dobře vyvinuté zadní končetiny. Proto byl také rychlejší a dobře skákal. Zkrácené prsty zmizely. Na předních nohou měl čtyři prsty a na zadních prsty tři (Štrupl, et al., 1983).

Mesohippus

Mesohippus žil ve spodním oligocénu. Velikostí se podobal ovci, na předních a zadních končetinách měl po třech prstech. Prostřední prst byl znatelně delší než prsty postranní. Podle chrupu lze usuzovat, že se živil pouze rostlinnou potravou (Štrupl et al., 1983).

Miohippus a Meryhippus

Miohippus a *Meryhippus* se začali podobat koni, i když výškově byli pořád malí. Na nohou měli po třech prstech, které došlapovali v měkké, často bahnitě půdě pralesa, kde žili. *Meryhippus* se na Zemi vyskytoval asi před šestnácti miliony let (Štrupl et al., 1983).

Neohipparion

Neohipparion byl velký a mohutný jako osel. Měl těžší hlavu, jeho nohy byly štíhlé a delší, mohl se pohybovat rychleji. Na nohou měl tři prsty, našlapoval pouze na prostřední prst a postranní dva se země nedotýkaly. Třetí plochy stoliček byly delší a měly složitou strukturu, neboť tráva na stepích byla tvrdá a vyžadovala silnější kousání (Štrupl et al., 1983).

Pliohippus

Po pliocenních stepích se v celých stádech proháněl *Pliohippus*. Jeho končetiny byly tvořeny jedním, prostředním prstem se zrohovatělým kopytem. Ze dvou postranních prstů zbyly pouze krátké přívěsky, jako tzv. kosti bodcovité, které lze nalézt na kostře koně. V době, kdy byl na Zemi *Pliohippus* nastoupil ve svém vývoji i člověk *Homo habilis*, žijící asi dva miliony let před naším letopočtem (Štrupl et al., 1983).

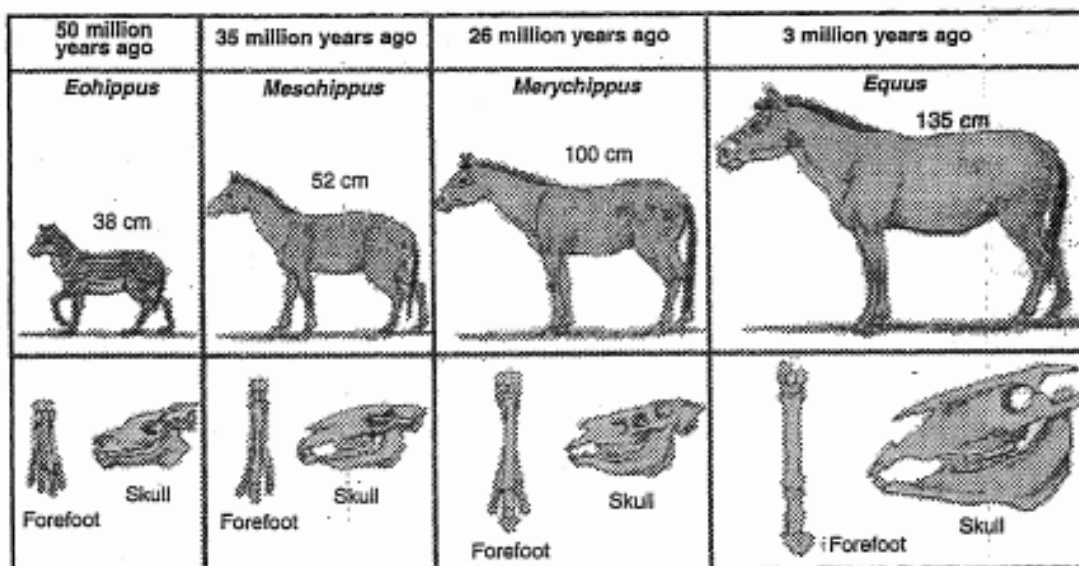
Pleshippus

Pleshippus žil v pliocénu a byl nalezen v Severní Americe. Z této poslední formy předků koní se vyvinul dnešní kůň zvaný *Equus*.

Equus

Equus se během staletí vyvíjel v mohutnější formy. Stával se z něho kůň středního rámce a velikosti, rychlý, otužilý a málo náročný.

Obrázek č. 1.: Vývojová řada koně (www.escapistmagazine.com)



2.1.3 Domestikace koně

Lidé a koně (*Equus caballus*) jsou spolu spojeni mnoho let. Už jeskynní malby koní v jižní Francii v Lascauxu jsou datovány kolem roku 10000 před naším letopočtem (obrázek č. 2.) (Simpson, 1951). Historie koně však sahá mnohem dále, až do prehistorických dob.

V Mezopotámii se koně vynořují již ve 4. tisíciletí před naším letopočtem. Na začátku 3. tisíciletí před naším letopočtem také v Číně, kde představitelé nové kultury Lung-šan chovali koně (Brentjes, 1979).

Domestikace koně je intenzivně studována po celá desetiletí. A přesto se do dnešní doby kladou otázky, zda byl kůň domestikován v malém počtu geograficky vymezených oblastí. Narůstající počet archeologických nálezů ukazuje na původ domestikace koně ve stepi dnešní Ukrajiny a Kazachstánu (Outram et al., 2009).

Nejstarší přímý důkaz se datuje do konce třetího tisíciletí před naším letopočtem (Levine, 2005). Domestikace koně měla na lidstvo velký vliv. Ze začátku se lovil pro potravu. V jeskyni u Solutrée ve Francii byla objevena velká hromada odpadků, která obsahuje tisíce koňských kostí z doby kamenné (Simpson, 1951). Jedná se pravděpodobně o největší pravěké pohřebiště koní: na ploše 4000 m² jsou navršeny kosterní zbytky až do výšky 230 cm (Mahler, 1995).

Koně se využívali jako tažná zvířata (Vernon, 1939). Ve 2. tisíciletí před naším letopočtem vznikl tažný vůz, který táhli čtyři koně (Brentjes, 1979). Byly to surové vozy s dřevěnými koly (Vernon 1939). Později zkoušeli lidé na koních jezdit. Sedlali je jako skot pomocí břišního a poprsního pásu, který se řídil otěží upnutou k nosnímu kroužku (Brentjes, 1979).

Koně měli vliv po 3000 let na historii v době války (Barclay, 1980). V 1. tisíciletí před naším letopočtem začalo období jízdních válečníků. V neschůdném horském terénu nešlo používat bojové vozy, a proto vyvinuli taktiku jízdních válek, která se rozšířila do nížin i rovin. V té době neznali ještě jezdci třmeny, však používali postroje přizpůsobené koním a ohlávku s uzdou, která umožňuje dokonalé vedení koně (Brentjes, 1979).

Kočovníkům koně dávali především maso, kůži, mléko, sýr. Kůň pro ně byl dopravním a jízdným zvířetem, byl pro ně i „kultovním“ zvířetem. Ukrajinští Skytové dávali v 6. až 4. století před naším letopočtem mrtvým knížatům do hrobu 30 až 40 koní. V Číně a Střední Asii se dávala do hrobů celá spřežení (Brentjes, 1979).

Kolem koně také vznikly rozmanité náboženské představy. Používal se jako obětní zvíře. Jedna z nejstarších obětí byla staroindická tradice vytvořená asi před 3000 lety. Tehdy vybrali krásného hřebce, který v doprovodu 100 koní a jezdců mohl rok putovat z místa na místo. Po uplynutí roku byl hřebec rituálně zardoušen. Tehdejší královna si musela lehnout k němu a vzít do klína jeho pohlavní úd. Tím měla přejít božsko-zvířecí plodnost na lidi (Brentjes, 1979).

Obrázek č. 2: Jeskynní malba koně (<http://cs.wikipedia.org/wiki/Lascaux>)



2.2 Rozdělení plemen

2.2.1 Základní dělení plemen podle stupně prošlechtění

- 1) Plemena původní (primitivní)
 - Zachovávají si původní způsob života. Mají tvrdou konstituci, dospívají později, jsou dlouhověká. Jsou menší vzrůstu a přizpůsobivá, odolná vůči nemocem, později dospívají. Dožívají se vysokého věku.
- 2) Plemena krajová neboli přechodná
 - Plemena, která se chovají v určitém kraji nebo oblasti již dlouhou dobu, jsou podmínkám tohoto kraje přizpůsobena.
- 3) Plemena kulturní neboli ušlechtilá
 - Jsou dlouhodobě šlechtěna podle chovných cílů, pro vysokou užitkovost.
 - Kulturní plemena vznikla v primitivních plemen pomocí chovatelských zásahů. Dříve dospívají, jsou náchylná na nemoci.

- 4) Plemena přechodná nebo-li zušlechtěná
- Jsou to plemena primitivní nebo krajová, odchovaná v lepších životních podmínkách. Tvoří přechod od primitivních a krajových plemen k plemenům kulturním.

2.2.2 Podle fylogenetického původu se koně dají rozdělit do čtyř skupin

- 1) Skupina koní mongolských (stepních)
- Prapředkem této skupiny plemen koní je kůň Przewalského, kertak
 - Plemena, která vznikla pod silným vlivem mongolských koní, se jim ze všech podskupin nejvíce podobají. Podle typu se používají buď k zemědělským pracím, nebo v dopravě, k pracím v lese, horách i jako koně jezdeckí. Mají tvrdou konstituci, jsou odolné vůči klimatickým výkyvům teplot a velmi výkonní.
 - Kůň kirgizský, baškirský, sibiřský, kazašský, kabardinský, altajský
- 2) Skupina koní východních (orientálních)
- Prapředkem této skupiny koní je tarpan.
 - Mezi tyto plemena patří i některé koně primitivní, ale většina z nich jsou koně kulturní. Patří sem koně dostihoví, sportovní, jezdeckí. Dále lehčí koně tažní a koně s kombinovaným a všestranným využitím, popřípadě upotřebení.
 - Tyto orientální koně měli značný vliv na veškerý teplokrevný chov. Plemenářskou prací vzniklo v této skupině mnoho dalších plemen, která pak podle krevní příslušnosti profesor Bílek rozdělil do čtyř podskupin
 - a) Podskupina koní íránských - achalteke, kůň turkmenský, jomutský, lokajský, karabašský, perský
 - b) Podskupina koní tarpani – hucul, konik
 - c) Podskupina koní s arabskou-berberskou krví - arabský plnokrevník, Shagyaarab, kůň berberský, fríský, andaluský, těrský, starokladrubský, lipicán, orlovský klusák, quarterhorse, pinto, appaloosa, criollo, lusitano, passofino, francouzský jezdecký kůň, trakén, norfolk, hunter, morgan, švédský teplokrevník, brumby
 - d) podskupina koní anglického typu - anglický plnokrevník, angloarab, český teplokrevník, kůň hannoverský, oldenburský, trakénský

- 3) Skupina koní západních (okcidentálních)
 - Předek chladnokrevných koní, patří sem plemena specializovaná na těžký tah a nejtěžší plemena, jsou plemena kulturní, šlechtěná člověkem
 - norik, hafling, peršeron, kůň belgický, ardenský, clydesdalský, shirský, torijský, bitjug
- 4) Skupinka koní severských (nordických)
 - Malí, chundelatí koně, kteří se původem odvozují od samostatné diluviální formy malých divokých koní. Jsou miniaturou koně západního.
 - Fjordský kůň, shetlandský pony, dartmoorský pony, exmoorský pony, velšský pony, connemara

2.3 Předkové dnešních koní

Rozdílné formy koně, které vznikly působením vnějších podmínek, je možné rozdělit do čtyř skupin. Jejich předky jsou:

- a) Kůň Przewalského – kertak (*Equus caballus Przewalskii*)
- b) Kůň Gmeliniho – tarpan (*Equus caballus Gmelini*)
- c) Kůň západní diluviální (lesní) - (*Equus caballus Robustus*, *Equusoccidentalis*)
- d) Kůň severní horský (nordický) – (*Equus gracilis Ewart*) (Štrupl et al., 1983)

2.3.1 Kůň Przewalského (Kertak)

Kůň Przewalského (*Equus caballus Przewalskii*) (obrázek č. 3.) pochází z divokého koně (*Equusferus Przewalskii*) objeveného ve střední Asii polským plukovníkem N. M. Przewalskim v roce 1878 (Bouman, 1994). Na jejich existenci upozornil v první polovině 19. století ruský badatel Pallas. Jedná se o jediného dosud žijícího předka koní (Sambras, 2006). Až do konce 18. století se tento druh pohyboval od ruských stepí až do Mongolska, Kazachstánu a severní Číny (Nowak, 1999). V asijských stepích žil kertak divoce až do poloviny 20. století. Poslední divoké stádo bylo pozorováno v roce 1969 na sever od Tachiin Shaar Nuruu v Dzungarian poušti Gobi v Mongolsku (Paklina, Pozdnyakova, 1989). V současné době se volně pohybuje v Mongolsku 306 koní (Zimmerman, 2011). Menší počet kertaků byl odchycen a dále se rozmnožuje v zoologických zahradách. Velkou zásluhu na rozvoji

chovu těchto koní má pražská zoologická zahrada, pověřená vedením plemenné knihy koně Przewalského (Sambraus, 2006).

Kertak je malého obdélníkového rámce. Hlava klabonosá, menší vejčité oko, dopředu obrácené nozdry s horním pyskem přesahujícím dolní. Kratší, silný, rovný, nízko nasazený krk se stojatou hřívou, dlouhý kohoutek, skloněná záď s nízko nasazeným ocasem. Hluboká hrud' i trup, kratší, silný, suchý fundament s dobrými kopyty. Zbarvením je plavák, méně často hnědák, výjimečně izabela (Sambraus, 2006). Typický je úhoří pruh, světlé části kolem tlamy a očí (Groves, 1994). Dospělí koně váží mezi 240 a 300 kg s kohoutkovou výškou cca 130-145 cm (Volf, 1996).

Počet chromozomů u Kertaka je $2n = 66$, u domácích koní je počet chromozomů $2n = 64$ (Benirschke et al., 1965). Kůň Przewalského je považován za sesterský taxon divokých koní a to zejména kvůli počtu chromozomů. Stávající populace koní Przewalského jsou odvozeny z velmi malého počtu jednotlivců a pouze potomci byli karyotypováni. Pokud došlo k přemístění v poslední době (až několik tisíců let), mohou mít některé asijské populace holocenních divokých koní stále 64 chromozomů (Koulischer, Frechkop, 1966).

Z koně Przewalského vznikla většina plemen asijských koní, jako jsou koně mongolští, čínští, kirgizští atd., které se mu podobají (Štrupl et al., 1983).

Obrázek č. 3.: Kůň Przewalski (<http://www.biolib.cz/cz/image/id196107/>)



2.3.2 Tarpan

Tarpan (*Equus Gmelini*) (obrázek č. 4.) byl součástí původní fauny ruských a jihoruských stepí zasahujících až k Černému a Kaspickému moři. Oblast jeho přirozeného výskytu zasahovala do Asie, k Aralskému jezeru. V 18. století tarpana poprvé popsal ruský přírodopisec S. G Gmelin, který stáda pozoroval. Profesor O. Antonius na počest jeho objevitele nazval tarpana *Equus Gmelini* (Štrupl et al., 1983). Koně byli intenzivně pronásledováni, neboť způsobovali škody na plodinách (Sambrus, 2006). Místní obyvatelé tarpany odstřelovali a ruští statkáři na ně pořádali hony. Nakonec je zcela vyhubili. Poslední tarpaní kříženec se do roku 1880 udržel v petrohradské zoologické zahradě (Štrupl et al., 1983). K dispozici jsou pouze kosterní materiály, které se skládají z jedné kompletní kostry (Olsen, 2006).

Tarpan byl o něco vyšší než kertak. Byl 130 – 135 cm vysoký, hlavu s širokým čelem a žuchvami, s krátkou obličejovou částí a krátkýma špičatýma ušima. Měl rovný, štíhlejší, vysoko nasazený krk se stojatou hřívou, mírně skloněnou zád'. Ocasní žíně sahaly jen po hleznový kloub a byly u kořene ocasu řídké. Fundament měl štíhlejší, vyšší, suchý, s vyššími, užšími kopyty a vyvinutými kaštánky. Zbarvením byl šedý plavák s úhořím pruhem a kroužkování na karpech a hleznech (Sambraus, 2006).

Obrázek č. 4: Tarpan (www.tarpanhorse.com)



Jediná známá fotografie pravého tarpana (chycen v r. 1866 a prodán Moskevské ZOO)

2.3.3 Kůň západní lesní – okcidentální

Kůň západní lesní (*Equus occidentalis* – *Equus robustus*) žil v přímořských krajích západní Evropy a v údolí Alp. Tento kůň byl pravděpodobně domestikován na více místech, např. v pohoří Pyreneje, alpská údolí (Štrupl et al., 1983).

Tento kůň se svými tvary zevnějšku i kostry shodoval s tvary dnešních chladnokrevných plemen koní. Hlava byla velká, klabonosá. Očnice zapadlé, tvar podlouhlý, elipsovité nebo vejčité. Krk široký, krátký, vysoko nasazený, u hřebců s tukovým hřebenem. Hřbet delší, volnější, často měkký, zad' silně skloněná, srázná, velmi široká, svalnatá. Trub hluboký, nohy silné s krátkou spěnkou a s velkými rousy, Končetiny s krátkou holení jsou známkou jeho ranosti. Srst hrubší, žíně silné, dlouhé, hříva i ohon jsou bohaté (Štrupl et al., 1983).

2.3.4 Kůň nordický – severský

Patří sem malí koně. V dnešní době žijí na Islandu, na ostrovech severně od Anglie, ve Skandinávii v severní Evropě. Na mnoha místech se vyskytují jejich kříženci, např. v Anglii s koněm arabským i anglickým, ve Skandinávii s koněm západním, v severní Evropě za polárním kruhem s koňmi typu kertaka a východoevropských horách Karpatech s krví koníku, koní arabských, lipických. V nejodlehlejších horách v Bukovině zůstala nejčistější forma této skupiny kůň huculský (Štrupl et. al., 1983).

2.4 Biodiverzita

2.4.1 Definice biodiverzity

Úmluva o biodiverzitě (Rio de Janeiro, 1992) definuje biodiverzitu následovně:

Biodiverzita neboli biologická rozmanitost znamená variabilitu všech žijících organismů, včetně suchozemských, mořských a jiných vodních ekosystémů a ekologických komplexů, jejichž jsou součástí. Zahrnuje diverzitu v rámci druhů, mezi druhy, diverzitu ekosystémů.

Biodiverzita nebo také biologická diverzita se vztahuje k rozmanitosti životních forem, výsledků evoluce, vyskytujících se v přírodě (Wilson, 1992).

Pojem diverzita vyjadřuje rozmanitost života ve všech formách, na všech úrovních, od genetických variant příslušejících ke stejnému druhu rozdílných druhů, i rozmanitost ekosystémů, zahrnujících ekologická společenství v dané lokalitě a podmínkách, ve kterých žijí.

Druhovú diverzita je nejznámější úrovní diverzity. Vyjadřuje rozmanitost druhů v rámci určitého ekosystému, krajiny nebo regionu. Rozmanitost života na Zemi je ohromná a nikdy nebudeme znát její úplný skutečný rozsah. Řada druhů již zmizela a řada dalších každoročně zaniká. Odhaduje se, že celkový počet druhů živých organismů na Zemi je 5-30 milionů (některé odhady hovoří až o 50 milionech), ale přesně určeny a popsány jsou jen 1,4 - 2 miliony druhů. Nejméně jsou poznány bakterie, houby a obecně mikroorganismy.

Tabulka 1.: Rozmanitost života podle nového odhadu (Mora, 2011)

	Odhad celkového počtu druhů	Dosud popsáno druhů
Živočichové	7,77 milionu	953 434
Rostliny	298 tisíc	215 644
Houby	611 tisíc	43 271
Prvoci	36 400	8 118
Řasy	27 500	13 033

2.4.2 Genetická diverzita

Genetická diverzita je základním materiálem pro evoluci a umožňuje organismům přizpůsobovat se prostředí a měnit se. Je založena na variabilitě genů tj. funkčních jednotek dědičnosti v organismech (Wilson, 1992).

Genetická diverzita vyjadřuje rozmanitost genů v rámci druhů. Doposud byla zjišťována hlavně u domestikovaných druhů, kde ji zvýšil člověk, a u populací chovaných v zoologických nebo pěstovaných v botanických zahradách. Má svůj význam také u divoce rostoucích a volně žijících druhů.

Genetická diverzita domestikovaných zvířat, jako integrální část biodiverzity a součást přírodního i kulturního světového dědictví, je ohrožena globalizací trhu a rozšířením vysoce přeměněných, vyšlechtěných plemen na rozsáhlých územích.

Pěstování monoklonových lesních plantáží nebo chov hybridů s totožnými genetickými vlastnostmi (pocházejícími od týchž rodičů), je velmi riskantní z hlediska uchování genetické diverzity (Lipský, 1999).

Člověk si vybral pro domestikaci jenom velmi omezený počet druhů savců a ptáků, kteří jsou ale dnes rozšířené po celé Zemi: skot, ovce, koza, prase, kůň, osel, slepice, kachna, husa, krocán. Kromě toho najdeme několik další druhů, jejichž rozšíření je ale geograficky velmi omezené – indický slon, velbloud, lama. Žádný z domestikovaných druhů zvířat není např. v Evropě ohrožen, ale neznamená to, že není ohrožena jejich biologická genetická diverzita. Jsou přizpůsobeny rozmanitým potravním možnostem, které jim poskytuje místní vegetace, a v mnoha směrech jsou přizpůsobeny také ekonomickým a sociálním potřebám místních obyvatel (Lipský, 1999).

V roce 1992 podepsalo 175 zemí včetně ČR „Konvenci o biologické diverzitě“. FAO jako organizace OSN převzala zabezpečení a plnění programu biodiverzity v oblasti živočišných a rostlinných zdrojů (Bulla, 1996).

Koncepce biologické diverzity specificky uznává „domestikované a chované“ druhy jako významný komponent globální biologické diverzity. Upozorňuje národy, aby identifikovaly a monitorovaly svou biodiverzitu s cílem zachovat, organizovat a užívat výsledná data a začlenit konzervaci a užití biologických zdrojů do národních programů (Urban, 2001).

Autozomálně genetickou rozmanitostí neplemenných koní se také zabývali Warmuth et al. (2013). Ústav zoologie a ústav pro archeologický výzkum na univerzitě v Cambridge (Velká Británie) shrnul řadu událostí v dějinách východní Eurasie, včetně procesů domestikace samotné. Počáteční šíření domácích koní a dalších pohybů se předpokládá, že mají vliv na genetickou strukturu populace domácích koní v této oblasti. Zkoumali v rámci populace a mezi nimi úroveň genetické rozmanitosti. Vzorky byly odebrány od koní ze 17 různých lokalit v Asii a částečně z východní Evropy. K tomuto odebrání bylo použito 26 autozomálních mikrosatelitů. Navzdory geografické vzdálenosti mezi 300 a 7000 km lokalitami pro odběr vzorků, párová F_{ST} byla velmi nízká (rozsah: <0,001 až 0,033), což svědčí o historicky vysoké úrovni toku genů. Analýzy neplemenných koní odhalily model izolace vzdáleností a výrazný pokles genetické rozmanitosti (očekává se heterozygotnost

a alelická bohatost) od východu na západ, konzistentní se západní expanzí koní z východní Asie.

2.4.3 Měření druhové rozmanitosti

Biodiverzitu lze nejjednodušeji vyjádřit jako druhové bohatství, tedy jako počet druhů. Počet druhů roste ve vztahu k počtu jedinců. Čím více jedinců je zahrnuto, tím je větší pravděpodobnost objevení vzácných druhů.

Vztah mezi rozmanitostí a velikostí vzorku závisí od rozdělení pravděpodobností výskytu taxonů v jednotlivých početnostných třídách. Tato rozdělení lze popsat širokým spektrem matematických vztahů, z nich každý předpokládá rozdílný vztah mezi diverzitou a velikostí vzorku, a navrhuje odlišný přístup k transformaci rozmanitosti vzhledem k počtu zaznamenaných jedinců.

Whittaker (1972) zjistil, že celkovou diverzitu v rámci velkého území, které nazval gama rozmanitostí, lze rozdělit do dvou komponentů:

- 1) Lokální – alfa diverzita
- 2) Změna druhového složení mezi různými biotopy – beta diverzita

Nejnižší prostorová úroveň je alfa – diverzita. Jedná se o druhovou diverzitu v rámci jednoho společenstva či stanoviště (Whittaker, 1972).

Jako alfa diverzitu označujeme druhovou bohatost, neboli počet druhů v určitém území, obvykle v jednom společenstvu, na jednom biotopu. Alfa diverzitu lze využít např. při srovnání počtu druhů v různých regionech nebo přírodních společenstvech.

Alfa diverzita může být vyjádřena některým z indexů diverzity, např.:

Simpsonův index diverzity (D), neboli index dominance – nejjednodušší, zjišťuje, zda jsou ve společnosti přítomny silně dominantní druhy nebo je společenstvo spíše vyrovnané. Hodnotí se významnost druhů (Kovář, 2000).

$$D = \sum \left(\frac{n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)} \right)$$

D je index diverzity, n_i počet téhož druhu, N celkový počet jedinců

Shannonův vzorec, někdy zvaný jako Shannon-Weaverův indexdiverzity, který v sobě spojuje složku druhové bohatosti a složku vyrovnanosti. Je závislý na velikosti plochy. Hodnota indexu roste s počtem druhů a s vyrovnaností. Hlavní nevýhodou toho indexu je to, že nelze kontrolovat, zda je velikost výsledné hodnoty zapříčiněna počtem druhů nebo vyrovnaností (Kovář, 2000).

$$H' = - \sum_{i=1}^S P_i \cdot \ln P_i$$

N_i – abundace i – tého druhu, N – celková počet jedinců, s – počet druhů

Beta diverzita je změna druhového složení při porovnání společenstva (Whittaker, 1972). Popisuje strukturální komplexitu prostředí, je mírou rozdílnosti druhového složení mezi společenstvy podél určitého gradientu prostředí nebo zeměpisné šířky, či mezi společenstvem a jeho okolím.

Jaccardův index podobnosti je nejstarší index vyjadřující podobnost druhového složení dvou společenstev. Porovnáva počet druhů v jednotlivých společenstvech (A, B) s počtem druhů společných oběma společenstvím (Kovář, 2000).

$$IS_j = \frac{c}{A+B-c} \times 100$$

A – počet druhů na stanoviště 1, B – počet druhů na stanoviště 2, c – počet druhů, které jsou společné pro stanoviště 1, 2

Sørensenův index je novější a vychází z Jaccardova indexu (Kovář, 2000).

$$IS_s = \frac{2c}{A+B} \times 100$$

A – počet druhů na stanoviště 1, B – počet druhů na stanoviště 2, c – počet druhů, které jsou společné pro stanoviště 1, 2

Gama diverzita je regionální, popř. nadregionální druhová diverzita. Gama diverzita je definována součinem beta diverzity a průměrné alfa diverzity (Whittaker, 1972). Vyjadřuje stupeň obměny druhů podle vzdálenosti určitých míst v podobném stanovišti, nebo podle jejich rozšiřujících se areálů výskytu.

2.4.4 Faktory ovlivňující diverzitu

Druhové složení a struktura společenstva jsou výsledkem působení různých ekologických faktorů a jejich vzájemných kombinací. Na všech úrovních má pro diverzitu společenstev velký význam heterogenita prostředí – zdrojů, pokryvu, krajinné matrice na regionální úrovni, atd. Diverzita společenstev živočichů koreluje těsněji se strukturní diverzitou vegetace než s její diverzitou druhovou (Begon et. al, 1997).

Na nejnižší úrovni se projevují především dostupnost a rozmístění zdrojů a biotické interakce vně i uvnitř druhů. S rostoucím množstvím zdrojů roste počet druhů schopných přežít v prostředí. Zároveň se zvyšuje intenzita kompetice (Grime, 1979). Na vyšší úrovni lze pozorovat pokles diverzity s rostoucí nadmořskou výškou, tedy i s měnícím se mezoklimatem. Stále má vliv produktivita, projevují se regionální disturbance (Kučera, 1997). Na nejvyšší úrovni diverzita klesá spolu s rostoucí zeměpisnou šířkou. Význam produktivity je v tomto měřítku neurčitý (Begon et. al, 1997).

Závislost druhového bohatství na ploše ekosystému a jeho izolovatelnou popisuje tzv. Teorie ostrovní biogeografie, i teraristický ekosystém lze chápat jako ostrov v krajinné matici. Druhové bohatství obvykle klesá s rostoucí vzdáleností ekosystému a naopak vzrůstá s jeho rozlohou (Kovář, 1952).

2.4.5 Genetická variabilita a její charakteristika a význam

Předpokladem evoluce je variabilita.

Genetická variabilita představuje nezbytný předpoklad pro udržení evolučních procesů v rámci druhu tím, že umožňuje přizpůsobení druhu měnícím se podmínkám prostředí (Plesník, 2005).

Genetická diverzita vyjadřuje rozmanitost genů v rámci populací a druhů. Zahrnuje odlišné populace v rámci jednoho druhu a rozdílné jedince v rámci určité populace (Plesník, 2005).

Genetická diverzita patří mezi faktory, které přispívají k charakteru a zdraví ekosystémů. Význam genetické rozmanitosti vůči jiným faktorům se liší podle taxonu, umístění, ročního období, atd. Vzhledem k tomu, že každý druh má svou

jedinečnou životní historii a jedinečné ekologické vztahy, jsou i výsledné genetické složení a význam genů životaschopnosti a udržitelnosti jedinečné (Rogers, et al, 1996).

Ke zvýšení genetické rozmanitosti přispívají nově vznikající varianty genů, mutantní alely. Mutace jsou jediným zdrojem nové genetické informace, avšak vzhledem k jejich nízké spontánní četnosti hrají samostatné mutace nevýznamnou roli při vytváření genetické variability v populacích. Genetická variabilita je dána obrovským množstvím genetické informace zakódované v molekulách DNA přítomných v jádrech buněk ve formě chromozomů.

Genetická variabilita je základ pro budoucí šlechtitelské programy. Variace zobrazuje genetické rozdíly mezi jednotlivci, populacemi v rámci daného druhu.

Genetická variabilita je v populacích, když se vyskytuje více než jedna alela v lokusu. Tato populace je pak segregující nebo polymorfní na tom daném lokusu. Některé lokusy jsou variabilní a některé fixované. Fixované lokusy jsou ty, kde všichni jedinci populace jsou homozygotní ve stejné alele. Dvě populace mohou být fixovány pro dvě různé alely stejného lokusu.

Genetickou rozmanitostí se také zabývali Bokor et al. (2013). Ty analyzovali informace o maďarském plnokrevníkovi. Účastníci analýzy byli na závodech v letech 1998 až 2012 v Maďarsku. Významný rozdíl mezi zakladateli 1062 jedinců a efektivní počet zakladatelů 42 let ukázal, že genetická rozmanitost se značně snížila. Zakladatelé v populaci nerovnoměrně přispěli ke genofondu referenční populace, což znamená pokles genetické variability.

2.5 Využití molekulární genetiky v hodnocení zvířat

2.5.1 Genetické markery, charakteristika a rozdělení markerů

Genetický marker je gen, nebo úsek chromozomu, jehož umístění na chromozomu je známé a používá se jako orientační bod v mapování nových mutací (Rosypal, 2001).

Genetický marker je známá sekvence DNA, která může být jednoduše identifikovatelná. Lze ji popsat jako jistý druh variace, způsobený mutací či pozměněním původní sekvence, který se sleduje na předem daném místě. Může to být krátká sekvence DNA.

Genetický marker je vysoce polymorfní znak, který vykazuje mendelistickou kodominantní dědičnost, je snadno a jednoznačně detekovatelný. Oproti klasickým markerům mají molekulárně-genetické markery tu výhodu, že jsou početné, relativně snadno identifikovatelné. Jsou vysoce informativní, mohou být stanoveny z malého množství tkáně v libovolném věku jedince a DNA může být dlouhodobě archivována a lze se tak k analýze vracet (Knoll, Vykoukalová, 2002).

Rozdělení markerů na tři typy podle Knolla a Vykoukalové (2002):

I. typ jsou kódující exprimované geny. Mají nízkou hladinu polymorfismu, jsou málo používané pro studie diverzity rodin a populací. Významně se používají ve srovnávacím neboli komparativním mapování.

II. typ jsou vysoce variabilní sekvence DNA, zde se využívají především mikrosatelity a minisatelity. Vlivem vysokého stupně polymorfismu jsou mikrosatelity vysoce informativní v populačních studiích a při určování rodičovství, jsou základem pro vazbové mapování genů. Nemají přímo vliv na variabilitu znaku, ale mohou být ve vazbě s QTL.

III. typ jsou jednonukleové polymorfizmy, které mohou ležet uvnitř kódujících genů, častěji se však nacházejí v nekódujících intronech nebo intergenových oblastech. Anglický název je single nucleotide polymorphism, SNP. Jsou využitelné pro populační a rodinné studie. Jejich význam stoupá s rozvojem automatických metod skríningu.

2.5.2 Využití markerů v selekci

První metody pro odhadování variability v DNA sekvenci se objevily v sedmdesátých letech minulého století. Jednalo se o rozštípání řetězce DNA na malé části specifickými enzymy a tyto kousky DNA se separovaly na gelu a vizualizovaly radioaktivním značením a později fluorescenčními značkami. Tuto techniku nazýváme RFLP, neboli polymorfismus délky restričních fragmentů. RFLP markery jsou kodominantní. Když se RFLP spojí s PCR neboli polymerázovou řetězovou reakcí, vznikne široce používaná metoda PCR-RFLP pro odhadování bodových mutací v DNA (Genetika populací a kvantitativních znaků, 2009).

PCR lze považovat za základní molekulárně-genetickou metodu rychlého a snadného zmnožení úseku DNA založenou na principu replikace nukleových kyselin. PCR se získává dostatečné množství specifického DNA pro další analýzy a může v některých svých modifikacích sloužit i přímo k identifikaci polymorfismů (Knoll, Vykoukalová, 2002).

Polymorfní molekulární markery jsou velmi užitečné pro odhad příbuznosti mezi jednotlivci a zjištění jejich původu, analýzy jsou nyní široce používány ve většině taxonů (Garant, Kruuk, 2005).

2.5.3 Mikrosatelity

Mikrosatelity jsou sekvence DNA složené z mnohokrát se opakujících motivů. Celková délka lokusu obvykle nepřesahuje 100 bp. Mikrosatelitové lokusy patří mezi nejvariabilnější oblasti genomu (Tautz, 1989).

Pro mikrosatelity se používají zkratky STRs (Short tandem repeats), SSR (simple sequence repeats), VNTRs (variable number of tandem repeats) (Tautz, 1989).

Podle délky repetice se mikrosatelity dělí na dinukleotidové (**CACACA**), trinukleotidové (**ATGATG**), nebo tetranukleotidové (**CATGCATG**). Většina mikrosatelitů (30-60%) tvoří dinukleotidové repetice.

Rozlišujeme různé typy mikrosatelitů. Úplné, neboli dokonalé (perfekt) mikrosatelity obsahují pouze jeden opakující se motiv, který nikdy není přerušen, např. CACACACACA... Dalším typem jsou neúplné, tedy nedokonalé (imperpekt) mikrosatelity, kde je repetice jednou přerušena jinou bází,

např. CTCTCTGTCTCT... Složené (compound) mikrosatelity jsou sestavené ze dvou nebo více přiléhajících mikrosatelitů s odlišným typem repeticce, např. CACACATGTGTG... Posledním typem jsou mikrosatelity přerušované (interrupted), ve kterých se nachází inserce malého počtu bází, které nenásledují strukturu repeticce, např. CACACATTCACACATTCACACA... (Goldstein, Schlötterer, 1999).

Mikrosatelity se nacházejí v celém genomu eukaryotických a prokaryotických organismů (Tóth et al, 2000).

Mikrosatelity se využívají jako vysoce informativní genetické markery při analýzách populací, které umožňují detekci případů porušení genetické rovnováhy v důsledku selekce, migrace, náhodného genetického driftu, stejně jako stanovené stupně inbreedingu. Variability mikrosatelitů se využívá ke stanovení genetické diverzity, tj. zjištění heterozygotnosti, genové diverzity, průměrného počtu alel na lokus, či genetické rozdílnosti (Dovc et al, 2006).

Mikrosatelity byly použity k posouzení specifických plemen koní. Například Kakoi et al. (2007) se zabývali posouzením genetické rozmanitosti u japonských domorodých populací koní.

2.5.4 Využití mikrosatelitní DNA v genetických studiích

Polymorfismus mikrosatelitní DNA se využívá u koní k určování původu a příbuzenských vztahů jedinců i populací a k odhadům genetické diverzity. Analýzy mikrosatelitů použil i Horák et al. (1998) ke studiu polymorfismu heterozygotnosti a genetických distancí u starokladrubských koní. Studovala se analýza 12 mikrosatelitů, které mají tyto lokusy: AHT4, AHT5, ASB2, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTGG, HTG4, HTG7, HTG10 a VHL20. Zjistil, že vraníci a bělouši vykazují blízkou genetickou příbuznost. Průměrná genetická distance je však mezi nimi na úrovni dvou různých plemen.

Heterozygotnost u lipicánů na základě analýzy 17 mikrosatelitních lokusů na 14 chromozómech: (AHT4, AHT5, AHT21, HMS1, HMS2, HMS6, HMS7, HMS8, HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, LEX053, UCDEQ405, UCDEQ437, UCDEQ505 a VHL20 sledovali Curik et al. (2003). Studium genetické diverzity také provedl Barcaccia et al. (2013). Ten se zajímal o strukturu a úroveň příbuzenské plemenitby

lipicánů pomocí AFLP (polymorfismus amplifikovaných fragmentů) a SSR (opakování jednoduchých sekvencí, mikrosatelity). V roce 2007 se zaznamenalo celkem 245 AFLP markerů ($n = 140$), a analýza mikrosatelitů byla provedena u všech klisen ($n = 42$) a hřebců ($n = 30$), podle genotypu na 30 SSR markeru. Celkem 53 (21,6%) AFLP markerů alel byly hodnoceny jako polymorfní mezi zvířaty, s průměrnou frekvencí 0,722. Na základě těchto markerů bylo 123 zvířat rozděleno do tří skupin po 44, 41 a 38 zvířatech, z nichž každá podskupina ukazuje genetickou podobnost kolem 86%. Zbývajících 17 zvířat vykazovalo smíchaný původ.

Rozsáhlou studii genetické diverzity lipicánů provedli též Achmann et al. (2004). V rámci této studie byl vyhodnocen 561 kůň ze 7 evropských zemí a 47 kladrubských koní. Na základě analýzy 22 mikrosatelitních lokusů na 16 chromosomech bylo stanoveno, že genetická diverzita u lipicánů je obdobná jako u jiných plemen a že mezi lipicány z různých hřebčínů existuje sice mírná, avšak zřetelná genetická odlišnost. Největší genetická odlišnost byla zaznamenána mezi rumunskou a italskou populací.

Na španělské klusáky se svojí studií zaměřili Azor et al. (2007). Plemeno vzniklé křížením klisen původních baleárských plemen s orlovskými, francouzskými a americkými klusáky. Bylo použito 16 mikrosatelitních markerů ke genetické analýze 40 vzájemně nepříbuzných španělských klusáků, 25 původních baleárských koní a 32 andaluských koní. Průměrná heterozygotnost a průměrný počet alel na lokus je španělských klusáků srovnatelná s hodnotami jiných plemen. Příbuznost, mezi španělskými klusáky s baleárskými plemeny je v současné době nízká, což znamená, že genofond současných španělských klusáků není založen na původních populacích baleárských koní.

2.5.5 Mitochondrie, mitochondriální analýzy

Mitochondrie jsou organely nacházející se mimo jádro v cytoplazmě buňky. Je to membránově obalená organela. Dosahuje velikosti v řádu několika mikrometrů a v buňce se jich může vyskytovat až tisíce.

Uvnitř mitochondrií se nachází zachované mitochondriální DNA, které se podobá bakteriální. Mitochondriální DNA je odvozená od bakteriální DNA.

Mitochondriální genetické systémy sestávají z DNA a z molekulárních mechanismů potřebných pro replikaci a expresi genů obsažených v této DNA. Tyto mechanismy jsou představovány makromolekulami potřebnými pro transkripci a translaci. Mitochondrie mají své vlastní ribozomy. Mnohé z těchto makromolekul jsou kódovány mitochondriálními geny, některé jsou však kódovány geny jadernými, a jsou proto do mitochondrií přeneseny z cytosolu (Snustad, Simmons, 2009).

Mitochondriální DNA neboli mtDNA, byla původně objevena v šedesátých letech dvanáctého století pomocí mikroskopu, který v mitochondriích zobrazoval vlákna podobná DNA. Techniky rekombinační DNA umožnily mtDNA analyzovat podrobněji. Velikost molekul mitochondriální DNA je proměnlivá (Snustad, Simmons, 2009).

Polymorfismus mtDNA umožňuje ověřovat příslušnost zvířat k daným rodinám, stanovovat genetické distance a odhadovat variabilitu mtDNA zakladatelek rodin (Dovc et al., 2006).

K popisu rozmanitosti na molekulární úrovni často slouží mitochondriální analýza. Mitochondriální DNA je zajímavá pro svou velkou variabilitu, malou mírou mutace, materiální dědičnost a nepřítomnost rekombinací (Hagelberk et al., 1999).

2.5.6 Charakteristika equinní mtDNA a její využití

Mitochondriální DNA koně domácího (*Equus caballus*) je tvořen zhruba 16660 bp včetně 1200 bp dlouhé kontrolní oblasti, která obsahuje mj. různý počet opakujících se 8nt identických motivů. Díky tomu je délka kontrolních oblastí potažmo s tím i celých molekul mitochondriální DNA u různých zvířat různá.

Pomocí mitochondriální analýzy lze využít k objasnění otázky domestikace koní. Takovou studií se zabývali Cieslaka et al. (2010), kdy bylo analyzováno 1961

mitochondriálních sekvencí, a z toho bylo 1754 sekvencí moderních koní. Zbývajících 207 sekvencí z archeologických nálezů. Vzorky pokrývaly široké rozmezí od pozdního pleistocénu po moderní dobu a od Aljašky a severovýchodní Sibíře po Pyrenejský ostrov. Bylo nalezeno 87 starověkých haplotypů. U domácích koně bylo pozorováno 56 haplotypů. Většina haplotypů má svoje kořeny ve východní Evropě a na Sibíři.

Marklund et al. (1995) odhalili pomocí analýzy mtDNA u souboru 78 koní nepříbuzných po mateřské linii 15 různých vzorků SSCP a u 4 rodin, sledovaných po 5 generací od společné klisny zakladatelky, byla zjištěna přesná a stálá dědičnost.

2.5.7 Metody hodnocení genetické diverzity hospodářských zvířat

Jedním z hlavních parametrů genetické diverzity, neboli intrapopulační genetické variability, je míra heterozygotnosti populace, kterou lze stanovit pro jednotlivé lokusy jedince nebo jako pravděpodobnost pro celou populaci, kterou lze stanovit pro jednotlivé lokusy nebo jako pravděpodobnost pro celou populaci (Řehout et al., 2005).

Heterozygotnost je jedinec, který má dvě různé alely pro jednu konkrétní vlastnost na obou homologních chromozomech (jednu alelu dominantní **A** a jednu recesivní **a**, nebo různé kodominantní alely) (Dvořák, Vrtková, 2001).

Heterozygotnost je pravděpodobnost, že dvě náhodně zvolené alely z populace nejsou identické.

Heterozygotnost teoretická

Míra homozygotnosti (g_i) je součtem čtverců alelických frekvencí z čehož následně lze stanovit míru heterozygotnosti (h_i), která se označuje jako h_i -teoretický ($h_{i\text{-teor}}$) (Řehout et al., 2005)

$$h_{i\text{ teor}} = 1 - \sum_{j=1}^{n_i} p_{ij}^2 = 1 - g_i$$

p_{ij} je četnost j -té alely na i -tém lokusu; n_i je počet alel alternujících na i -tém lokusu

Heterozygotnost experimentální

Odhad heterozygotnosti (h_i) i -tého lokusu můžeme stanovit jako podíl jedinců nesoucích na daném lokusu různé alely (heterozygotů) k celkovému počtu jedinců v populaci. Protože uvedený odhad heterozygotnosti je stanoven ze skutečných v populaci ze skutečných v populaci zjištěných absolutních četností genotypů (n_{hi}), označujeme ho v práci jako h_i -experimentální ($h_{i\text{-exp}}$) (Řehout et al., 2005):

$$H_{i\text{ exp.}} = \frac{n_{hi}}{n}$$

n_{hi} počet heterozygotních jedinců na i -tém lokusu; n celkový počet náhodně vybraných jedinců z dané populace

Standardizovaná heterozygotnost

Pro možnost srovnání heterozygotnosti mezi generacemi, plemeny apod. byl navržen výpočet tzv. standardizované heterozygotnosti (h_{is}), který bere v úvahu možnost rozdílného počtu alel sírujících na daném lokusu v konkrétní populaci a příslušným způsobem teoretický genetický parametr standardizuje. Vychází z obecné populační zákonitosti, že stupeň heterozygotnosti je maximální, jestliže jsou všechny alely alternující na daném lokusu zastoupeny v populaci se stejnou frekvencí (Řehout et al., 2005).

$$h_{is} = \frac{h_i}{(n_i - 1)n_i} = h_i / h_{\max} n_i$$

n_i = počet alel alternujících na i -tém lokusu; h_i odhad heterozygotnosti

Efektivní počet alel

Další míra genetické diverzity populace je odvození tzv. efektivního počtu alel j (ena) na příslušném lokusu i (ena_i) definovaný jako reciproká hodnota homozygotnosti daného lokusu. Efektivní počet alel je podle autorů současně základní mírou intrapopulační diverzity pro i -tý lokus (h_i^D) (Řehout et al., 2005)

$$h_i^D = 1 / \left[\sum_{j=1}^{n_i} p_{ij}^2 \right] = 1 / g_i - ena_i$$

n_i = počet alel j segregujících na lokusu i

Průměrná heterozygotnost

Průměrnou heterozygotnost (H_{exp}) lze chápat jako průměr heterozygotnosti všech lokusů. Potom lze její odhad odvodit z heterozygotnosti jednotlivých lokusů, tj. všech lokusů v populaci identifikovatelných (Řehout et al., 2005)

$$H_{exp} = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^r h_{i exp.}$$

r je počet lokusů i ; h_{i-exp} je heterozygotnost daného lokusu i

Polymorfni informační obsah (PIC)

$$PIC = HET - 2 \sum_{i=1}^{n-1} p_i^2 \sum_{j=i+1}^n p_j^2$$

p_i je četnost i -té alely; n je počet alel; HET je heterozygotnost

Genetická variabilita populace je dána počtem genů, které mají více než jednu alelu v genomu – jsou tzv. polymorfni (polymorphic genes), tak počtem alel každého polymorfniho genu. Polymorfni geny umožňují jedincům v populaci být heterozygotními (heterozygot) pro daný gen, tj. obdržet od každého z rodičů jinou alelu tohoto genu (Richard, Thorpe, 2001).

Genetický polymorfismus je existence dvou nebo více alel (variant genů) v jednom lokusu, převyšující svým výskytem 1% výskyt v populaci (Holasová et al, 2006).

Polymorfismus je chápán jako výskyt více než dvou alternativních alelických variant určeného genu v populaci. Pokud v genu není detekována ani klasická alternativní podvojná forma genu – dialelismus, jedná se o gen monomorfni. Pokud v genu alternují dvě alely, označuje se takový případ jako jednoduchý alelismus. Mnohotný (mnohočetný) alelismus je základem genetického polymorfismu. Polymorfismus můžeme pozorovat na úrovni DNA, proteinů a jednodušeji dědičných znaků (Hruban, Majzlík, 2000).

Polymorfismus zároveň mění i evoluční potenciál populace a druhu, tj. schopnost populace a druhu odpovídat na krátkodobé selekční tlaky prostředí. Přítomnost polymorfismu zvyšuje schopnost populace reagovat na krátkodobé tlaky prostředí,

protože poskytuje selekci genetický materiál, ze kterého může vybírat vhodné varianty, lépe odpovídat změněným podmínkám prostředí. Selektce tak nemusí čekat na vznik nových mutací a může využívat již přítomnou variabilitu (Flegr, 2005).

2.6 Národní program, genetické zdroje zvířat

2.6.1 Plemenné knihy, plemenářská práce

Plemenné knihy slouží k registraci všech zvířat daného druhu, která jsou chována člověkem. Pomocí těchto druhů lze sestavovat chovné skupiny tak, aby nedocházelo k nežádoucímu příbuzenskému křížení. Plemenné knihy mohou být regionální nebo mezinárodní. Mezinárodní plemenné knihy pak zahrnují údaje chovatelských institucí z celého světa. Plemenná kniha je nástroj, který pomáhá řídit chov určitého druhu zvířete (Zoologická zahrada Praha, 2013).

Pražská zoologická zahrada vede Mezinárodní plemennou knihu koně Przewalského od roku 1959. Po 2. světové válce ji založila dr. Erna Mohrová. Kniha se stala nejobsáhlejší plemennou knihou na světě. V knize nalezneme údaje o koních chovaných v zajetí od roku 1899. V knize jsou údaje popsány anglicky a česky a nyní obsahuje 5900 jedinců. U každého jedince si lze vyhledat rodokmen 3 generací zpátky (Kůs, 2008).

Asociace svazů chovatelů koní (ASCHK) vede jednotlivé plemenné knihy plemen arabský kůň, českomoravský belgický kůň, český sportovní pony, hafling, norický kůň, shetlandský pony, slezský norický kůň, velšská plemena. ASCHK shromažďuje a vyhodnocuje chovatelské výsledky, vede poradenskou činnost a propaguje chov koní. Od roku 2006 dává všem svým uživatelům na internetu k dispozici rodokmeny koní a jejich údaje o chovu, který jsou zařazeni v plemenných knihách (ASCHK, 2009).

Svaz chovatelů lipického koně ČR vede plemennou knihu pro lipického koně. Je vedena formou počítačové databáze. Účelem plemenné knihy je zabezpečení cílevědomého a soustavného zdokonalování genetické populace lipického koně (SCHLK, 2010).

WorldFengur je databáze, která obsahuje a funguje jako plemenné knihy původu islandského koně. Zapisují se sem pouze čistokrevní islandští koně. WorldFengur

je projektem společného úsilí Faic (Farmers Association of Island) a FEIF (International Federation of Icelandic Horse Associations), který postavil oficiální a centrální databáze na koních z islandského původu nacházející se po celém světě. Databáze byla otevřena v srpnu 2001 na mistrovství světa v Rakousku. Obsahuje informace o koňských rodokmenech a potomků, výsledky šlechtitelských hodnocení a sportovních soutěžích, majitele, chovatele, predikce plemenných hodnot, barvy, čísla mikročipů, zdravotní záznamy, DNA profily pro kontrolu předků atd. Ve WF se najde široký rozsah o 354 035 čistokrevných koní islandských koní po celém světě. Prostřednictvím WF je možné sledovat všechny možné přesuny zvířat uvnitř i přes hranice, pokud jsou zapsány (Lorange, 2011).

Plemena mimo Národní program, která jsou natolik rozšířená a početná, aby mohla autonomně existovat v čistokrevné podobě, mají své plemenářské programy a evidují se v plemenných knihách s dlouhodobou řadou dat, která jsou i pravidelně, tj. každoročně vyhodnocována a uveřejňována podle zákona 154/2000 Sb. Vedením plemenných knih a plemenářská evidence jsou pověřena příslušná uznaná chovatelská sdružení (s výjimkou starokladrubskeho koně, kde evidence vede Národní hřebčín Kladruby). K dispozici jsou u těchto organizací individuální data i souhrnná data za plemena, z nichž lze usuzovat na trendy v jejich vývoji, využití v čistokrevné plemenitbě, a v hybridizaci atd. (Roudná et al., 2004).

Posláním plemenářské práce je snaha o změnu genetické skladby populací hospodářských zvířat ve směru zvyšování užitkovosti. Hlavní náplní zušlechťovacích procesů je selekce jedinců nebo skupin s optimálním genotypem (Cetl, Nečásek, 1979).

Plemenářská evidence nebo plemenné knihy málopočetných plemen vedou jejich chovatelská sdružení, která průběžně vznikají, přitom nemusí být členy příslušných svazů nebo asociací. Oprávnění k vedení všech plemenných knih uděluje a oprávněné subjekty eviduje Ministerstvo zemědělství – odbor živočišné výroby (Roudná et al., 2004).

2.6.2 Národní program ochrany, konzervace a využití genetických zdrojů

Podle zákona č. 154/2000 Sb., plemenářský zákon je opatření k zajištění ochrany, konzervace a využití genetických zdrojů zvířat upravena v Národním programu konzervace a využívání genetických zdrojů zvířat významných pro výživu a zemědělství. Ministerstvo zemědělství vydává Národní program vždy na dobu 5 let.

Národní program vznikl v polovině 90. let v odezvě na Globální strategii využívání GZ, vyhlášenou Organizací spojených národů pro výživu a zemědělství (FAO) jako jednou z cest k zajištění potravinové bezpečnosti. Vyházel z přitom z Dohody OSN o Biologické rozmanitosti (CBD), která apeluje na nutnost jejího uchování a podporuje její setrvalý rozvoj (Mátlová, 2006).

Ministerstvo stanovuje Národní program za účelem organizačního a věcného zabezpečení uchování a setrvalého využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, které se nacházejí na území České republiky (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

Národní program zabezpečuje všechny nezbytné aktivity, zejména shromažďování, evidenci, dokumentaci, charakterizaci a hodnocení, regeneraci, dlouhodobé uchování a využívání výše uvedených genetických zdrojů. Součástí Národního programu je rovněž zajištění služeb uživatelům genetických zdrojů a relevantních informací za podmínek stanovených platnými mezinárodními dohodami a národními normami (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

Součástí NP jsou Metodiky, ve kterých jsou uvedeny hlavní principy realizace NP. Změny Metodik musí být provedeny dodatkem, který schvaluje ministerstvo. Detailní metodiky na jednotlivé kolekce, plemena nebo skupiny organismů, vypracovávají a aktualizují všechna pracoviště NP, které odpovídají za jednotlivé kolekce, a garanti za jednotlivá živočišná plemena; schvaluje je pověřená, resp. určená osoba, a předkládá je ministerstvu ke schválení do 30. listopadu roku předcházejícího jejich plnění dílčí metodice. Jednotliví účastníci Národního programu jsou povinni dodržovat příslušnou Metodiku i dílčí metodiku (Národní

program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

2.6.3 Hodnocení Národního programu

Ministerstvo provádí každoročně hodnocení NP na základě podkladů (zpráv) předaných pověřenou, resp. určenou osobou. V hodnocení posuzuje rozsah uchovávaných kolekcí (chovů, sbírek) a úroveň práce s nimi, zejména pak počty nově získaných vzorků genetických zdrojů, regenerovaných genetických zdrojů, vzorků předaných do genobanky poskytnutých uživatelům. Dále se při hodnocení posuzují údaje o souborech dat předaných účastníky NP do informačních systémů o genetických zdrojích a informace o výsledcích mezinárodní spolupráce v oblasti konzervace a využívání genetických zdrojů (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

2.6.4 Financování Národního programu

Finanční prostředky na podporu NP jsou poskytovány ze státního rozpočtu prostřednictvím kapitoly ministerstva Podmínky pro poskytování a čerpání finančních podpor na udržování a využívání GZ rostlin, mikroorganismů a zvířat jsou pro jednotlivé účastníky, pověřené osoby a určenou osobou NP stanoveny v zásadách které každoročně pro tento účel vydává Ministerstvo (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

Finanční prostředky jsou jednotlivým účastníkem NP ministerstvem každoročně poskytovány na základě projednání a doporučení Rady genetických zdrojů příslušně pověřené osoby (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

2.6.5 Genetické zdroje a jejich význam

Genetické zdroje, nebo dříve také genetické rezervy, lze definovat mnoha způsoby. Podle Dohody o biologické rozmanitosti (Convention on Biodiversity, CBD, 1992) označuje za genetický zdroj živý materiál, který obsahuje geny s bezprostřední nebo potenciální hodnoty pro lidstvo. Tato definice zahrnuje plemena, kulturní plodiny a jejich volně žijící příbuzné. Za genetický materiál se označují materiály živočišného, rostlinného nebo mikrobiálního původu u plemen, rostlin a zemědělských plodin (Roudná, Dotlačil et al, 2007).

Genetické zdroje jsou pro lidi důležité a mají nevyčíslitelnou hodnotu. Jsou využívány v tradičním zemědělství, konvenčním či moderním šlechtění, v genovém inženýrství, zpracovatelském průmyslu.

Genetické zdroje chápeme jako genetický materiál skutečné nebo potenciální hodnoty a to včetně produktů soudobých biotechnických metod (Plesník, 2004). Genetickými zdroji zvířat se rozumí jedinec, sperma, vajíčko, embryo, popřípadě jiný genetický materiál autochtonního nebo lokálně adaptovaného druhu, plemene, nebo populace zvířete, nacházejícího se na území České republiky, mající význam pro výživu a zemědělství, pro uchování biologické a genetické rozmanitosti světového přírodního bohatství a pro umožnění jeho využívání pro potřeby současných a budoucích generací zařazené do Národního programu provozovaného určenou osobou, ve smyslu zákona č. 154/2000 Sb., o šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat a o změně některých souvisejících zákonů (plemenářský zákon), ve znění pozdějších předpisů (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství, 2006).

V současné době je v Evropě ohrožena existence řady místních plemen hospodářských zvířat. Vliv jednostranného selekčního tlaku působí, že řada původních plemen je překřížena nebo je postupně vyřazována z jejich chovu (Mácha, 1993).

Se zánikem původních plemen se ztrácí i cenné geny, které byly pro tato plemena typická a jejichž přítomnost v dědičném základu byla hlavní příčinou přizpůsobivost místním podmínkám. Původní plemena je nutné udržovat jako zdroje genetické proměnlivosti pro zabezpečení realizace šlechtitelských a hybridizačních programů

v chovu hospodářských zvířat, Při uchování biofondu nelze opomíjet i kulturní hledisko, protože plemena hospodářských zvířat patří ke kulturnímu dědictví každého národa (Hrouz et al., 1997).

Ohrožené plemeno navržené jako genový zdroj se musí od ostatních převládajících plemen lišit v zásadních hospodářsky důležitých znacích (velikost těla, rezistence vůči zátěžím, odolnost k chorobám, barva srsti, fyziologické zvláštnosti, specifické geny, biochemický polymorfismus nebo krevní skupiny). Tyto rozdíly musí být nejméně v jednom v uvedených kritériích a alespoň tak velké, že je nelze intenzivní selekcí změnit za tři generace (Majerčiak et al., 1993).

2.7 Monitorování genetických zdrojů a jejich zařazení do ochrany

2.7.1 Genetické zdroje České republiky a opatření na jejich ochranu a využívání

Česká republika se i přes svoji malou rozlohu vyznačuje poměrně vysokým počtem planě rostoucích rostlin a volně žijících živočichů. S postupem vývoje byly nashromážděny v České republice i některé cenné formy a odrůdy vyšlechtěných rostlin i plemen zvířat, které člověk domestikoval a v jejich rámci výběrem, později cílevědomým šlechtěním, postupně spolu s přírodou vytvořil obrovské množství geneticky odlišných forem – dnešních krajových a šlechtěných odrůd a plemen. Tyto odrůdy či plemena spolu s příbuznými planými a primitivními formami představují genetické zdroje velmi významné pro další využití, a vyžadují proto rovněž ochranu a zachování pro budoucnost (Roudná, Dotlačil et al, 2007).

Uchování genetických zdrojů pro zemědělství je v ČR zajišťováno prostřednictvím „Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu, zemědělství a lesní hospodářství“ (Roudná, Dotlačil et al., 2007).

Jedním ze způsobů zachování genetických zdrojů je jejich uchování ve sbírkách mimo místo přirozeného výběru, zpravidla v genových bankách. Podle statistiky FAO je nyní takto ve světě uchováno kolem 6,5 milionů položek genetických zdrojů. Mimo to ovšem existuje široká genetická proměnlivost primitivních forem kulturních

druhů a planých příbuzných druhů a je známa a průběžně monitorována v přírodě pouze velmi malá část tohoto bohatství (Roudná et al., 2004).

Do genetických zdrojů hospodářských zvířat byla zahrnuta plemena skotu, ovcí, koz, koní, prasat, drůbeže, králíků, nutrií, sladkovodních ryb a včel, která mají původ nebo jsou dlouhodobě adaptována na území České republiky. Hlavním prostředkem jejich ochrany je *in situ*. Další zdroje jsou udržovány *ex situ*, v genobankách a to ve formě kryokonzervovaného reprodukčního materiálu, jako jsou inseminační dávky, embrya, kmenové buňky, tkáně, zamrazené dávky mlíčí ryb. Koordinační činnosti v oblasti genetických zdrojů hospodářských zvířat je v ČR pověřen Výzkumný ústav živočišné výroby Praha – Uhřetěves. Národní středisko průběžně sleduje program kryokonzervace a užití metod molekulární genetiky pro monitoring a popis genetického materiálu všech plemen zařazených do Národního programu. Kryobanka genetického materiálu plemen zařazených do Národního programu je umístěn v Hradištku. Plemena mimo Národní program, která jsou natolik rozšířená a početná, aby mohla autonomně existovat v čistokrevné podobě, mají své plemenářské programy a evidují se v plemenných knihách s dlouhodobou řadou dat (Roudná, Dotlačil et al., 2007).

V České republice máme 4 genetické zdroje koní. Patří sem starokladrubský kůň, slezský norik, huculský kůň a českomoravský belgický kůň.

Tabulka č. 2.: Přehled genetického materiálu, kryobanka Hradištko z roku 2003 (Roudná et al., 2004)

Plemeno	Embrya Počet	Inseminační dávky	
		Počet plemeníků	Počet dávek
Starokladrubský kůň	0	23	937
Huculský kůň	0	2	102
Slezský norik	0	1	50
Česko moravský belgický kůň	0	1	50

Příslušný paragraf zákona č. 154/2000 Sb., o šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat s provádějíci vyhláškou č. 471 z roku 2000 určuje způsob udržování genetických zdrojů formou čistokrevné plemenitby v uzavřených populacích a kryokonzervaci spermií buněk a embryí (Roudná et al., 2004).

2.7.2 Mezinárodní a regionální organizace a smlouvy

K nejdůležitějším mezinárodním agencím, jež se týkají určitým způsobem genetických zdrojů, patří organizace, které jsou zahrnuté v systému OSN. Z nich se vztahuje přímo ke genetickým zdrojům Organizace OSN pro výživu a zemědělství (FAO). Dále Program OSN pro životní prostředí (UNEP), Rozvojový program OSN (UNDP), Světová banka (WB), Globální fond životního prostředí (GEF), Světový potravinový program (WFP), Fórum OSN o lesích (UNFF), UNESCO, Světová zdravotnická organizace (WHO), Světová organizace práce (ILO) či konference OSN o obchodu a rozvoji (UNCTAD), Mezinárodní fond pro zemědělský vývoj (IFAD), Rozvojový fond OSN pro problematiku žen (UNIFEM) (Roudná et al., 2004).

K plnění ochrany genetických zdrojů a širšího pojetí biologické rozmanitosti přispívají mnohé další organizace, ať již afiliované k systému OSN či nevládní, jak mezinárodní, tak regionální, a některé specializované instituce. K nim patří např. INCN (Světový svaz ochrany přírody), BirdLife International, WWF (Světový fond pro přírodu), Wetlands International, Fauna and Flora International, Botanic Gardens Conservation International (BGCI), World Resources Institute (WRI), European Centre for Nature Conservation (ECNC), Regional Environmental Center for Central and Eastern Europe (REC) (Roudná et al., 2004).

2.8 Genetická variabilita koní

2.8.1 Genetická variabilita plemen koní Národního programu genetických zdrojů

Jedním z požadavků pro zařazení hřebců a klisen plemen starokladrubského koně, českomoravského belgického koně, slezského norika a huculského koně do genetických zdrojů je stanovení podílů tzv. původních genů v rodokmenech aktuálních zvířat. Původními geny se rozumí geny samčích a samičích jedinců, příslušníků výše uvedených populací, které lze, vzhledem k jejich postavení v rodokmenech aktuálních žijících jedinců, považovat za zakladatele plemene a kteří zcela zásadně a významně ovlivnili vývoj celého plemene, linií a rodin (Volenec, 2004).

Hlavním cílem studium Kourkové et al. (2009) se týká genetické rozmanitosti ve vybraných ohrožených populacích koní v České republice. Genetická variabilita byla porovnána u čtyř plemen – starokladrubský kůň, huculský kůň (teplokrevní koně) a českomoravský belgický kůň, slezský norik (chladnokrevní koně). Výzkum se týká variability mikrosatelitů DNA markerů v koňském genotypu.

Byly analyzovány vzorky 583 koní následných populací – starokladrubský kůň (n = 82), huculský kůň (n = 330), českomoravský belgický kůň (n = 66), slezský norik (n = 105).

U těchto zvířat byly dále zjištěny genotypy mikrosatelitů se 17 markery doporučených Mezinárodní společnosti genetiky zvířat pro individuální identifikaci a určování rodičovství. Tyto markery jsou: AHT4, AHT5, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, VHL20, ASB2, ASB17, ASB23, CA425 a LEX3. Na každém lokusu byl zjištěn počet alel v rozmezí od 4 (HTG7, HTG6, HMS1) do 12 (ASB17, LEX3) s průměrem 7,26 alel (obrázek č. 5).

Nejvyšší heterozygotnost byla pozorována a zjištěna u VHL20 – více než 0,80 ve všech 4 plemenech. Podobně vysoká heterozygotnost byla zjištěna pro lokus AHT4, AHT5, HMS2, HTG10, ASB2, ASB17, ASB23, CA425. Nejnižší hodnota byla zjištěna u lokusu HTG7, kde byla pozorována 0,20 u starokladrubského koně, pro lokus HTG6 u huculského koně, kde bylo 0,58, u slezského norika 0,50, u starokladrubského koně 0,47 a u českomoravského belgického koně 0,29. Pro lokus HMS1 bylo u českomoravského belgického koně pozorováno 0,46.

Obrázek č 5. Tabulka počtu alel (NA), pozorování heterozygotnosti (H_O), očekávané heterozygotnosti (H_E), a polymorfisním informací o obsahu (PIC) ve čtyřech plemenech koní: starokladrubský kůň, slezský norik, huculský kůň, českomoravský belgický kůň (Kourková et al., 2009).

MS	Old Kladruby Horse				Silesian Noric				Hucul				Czech-Moravian Belgian Horse			
	NA	HO	He	PIC	NA	HO	He	PIC	NA	HO	He	PIC	NA	HO	He	PIC
AHT4	7	0.74	0.73	0.77	7	0.80	0.81	0.80	11	0.86	0.82	0.85	8	0.80	0.78	0.81
AHT5	6	0.73	0.71	0.72	8	0.75	0.74	0.77	8	0.83	0.80	0.80	7	0.76	0.78	0.77
HMS1	4	0.56	0.50	0.58	7	0.66	0.68	0.69	7	0.70	0.68	0.77	4	0.46	0.50	0.51
HMS2	4	0.65	0.64	0.67	9	0.73	0.72	0.77	10	0.82	0.80	0.78	8	0.72	0.74	0.70
HMS3	6	0.68	0.69	0.68	7	0.77	0.76	0.80	8	0.84	0.81	0.82	7	0.78	0.79	0.76
HMS6	4	0.68	0.70	0.66	6	0.69	0.64	0.70	6	0.72	0.74	0.75	5	0.67	0.64	0.68
HMS7	6	0.74	0.77	0.75	6	0.81	0.80	0.84	8	0.67	0.69	0.70	5	0.73	0.72	0.73
HTG4	5	0.76	0.77	0.78	6	0.67	0.63	0.66	7	0.77	0.73	0.76	5	0.74	0.72	0.76
HTG6	5	0.47	0.46	0.49	4	0.50	0.48	0.55	8	0.58	0.56	0.60	4	0.29	0.28	0.30
HTG7	3	0.20	0.21	0.20	4	0.71	0.70	0.73	5	0.66	0.64	0.68	4	0.70	0.72	0.71
HTG10	8	0.70	0.72	0.75	10	0.72	0.71	0.74	11	0.83	0.82	0.80	10	0.83	0.82	0.84
VHL20	7	0.82	0.80	0.81	9	0.80	0.82	0.82	10	0.88	0.87	0.85	8	0.83	0.82	0.80
ASB2	6	0.79	0.75	0.78	8	0.77	0.74	0.77	10	0.81	0.78	0.80	9	0.66	0.64	0.67
ASB17	9	0.71	0.70	0.77	12	0.89	0.85	0.85	12	0.87	0.85	0.84	11	0.89	0.84	0.85
ASB23	5	0.74	0.79	0.76	6	0.83	0.84	0.82	11	0.87	0.88	0.86	5	0.80	0.78	0.78
CA425	5	0.60	0.61	0.66	6	0.75	0.74	0.77	11	0.85	0.87	0.84	8	0.74	0.75	0.76
LEX3	4	0.52	0.51	0.50	12	0.87	0.86	0.78	10	0.85	0.78	0.83	9	0.86	0.84	0.88

Očekávaná heterozygotnost (H_E), pozorovaná heterozygotnost (H_O)

U starokladrubských koní bylo objeveno celkem 94 alel, u slezského norika 127 alel, u huculského koně 153 alel a u českomoravského belgického koně 117 alel. Některé alely jsou typické jen pro jedno plemeno primitivní alely. Největší počet těchto typických alel byl pozorován u huculského koně – 21, které nebyly prokázány u jiných plemen. U starokladrubského koně, huculského koně a českomoravského belgického koně se nevyskytovaly 4 alely, které jsou specifické pro slezského norika. Alely HTG10-T a ASB17-H jsou přítomny pouze u starokladrubských koní (obrázek č. 6.)

Frekvence alel a směrodatná odchylka byla vypočtena pro každý lokus zvlášť. Alely s největší frekvencí u všech testovaných plemen: HMS3 – alela P, HTG4 – alela M, HTG6 – alela O, LEX3 – alela L.

Obrázek č 6. Tabulka alel identifikované u starokladrubskeho koně, huculského koně, slezského norika, českomoravského belgického koně (Kourková et al., 2009).

Locus	Old Kladruby Horse	Silasian Noric	Hucul	Czech-Moravian Belgian Horse
AHT4	H, J, K, M, N, <u>Q</u> , P	H, I, <u>J</u> , K, L, N, O	F , <u>H</u> , I, J, K, L, M, N, O, P, R	H, I, J, K, L, M, <u>Q</u> , P
AHT5	J, K, L, M, N, <u>Q</u>	I, <u>J</u> , K, L, M, N, O, P	H , I, <u>J</u> , K, L, M, N, O	I, J, K, L, M, <u>N</u> , O
HMS1	I, J, <u>M</u> , N	I, J, K, L, <u>M</u> , N, Q	I, <u>J</u> , K, L, M, N, Q	J, K, L, <u>M</u>
HMS2	H, I, <u>K</u> , L	<u>H</u> , I, J, K, L, M, P, R, S	H, I, J, <u>K</u> , L, M, O, P, Q , R	<u>H</u> , I, J, K, L, O, R, S
HMS3	I, M, O, <u>P</u> , Q, R	I, M, N, O, <u>P</u> , Q, R	I, M, N, O, <u>P</u> , Q, R, S	I, M, N, O, <u>P</u> , Q, R
HMS6	K, <u>L</u> , M, P	K, <u>L</u> , M, N, O, P	K, L, M, N, O, <u>P</u>	L, M, N, O, <u>P</u>
HMS7	J, K, L, M, N, <u>Q</u>	J, K, L, M, <u>N</u> , O	J, K, <u>L</u> , M, N, O, P, Q	J, <u>L</u> , M, N, O
HTG4	K, L, <u>M</u> , N, O	K, L, <u>M</u> , O, P, Q	K, L, <u>M</u> , N, O, P, Q	K, L, <u>M</u> , O, P
HTG6	G, I, J, M, <u>Q</u>	G, I, J, <u>Q</u>	G, I, J, M, N , <u>Q</u> , P, R	G, I, J, <u>Q</u>
HTG7	K, N, <u>Q</u>	<u>K</u> , M, N, O	I, K, M, N, <u>Q</u>	K, M, N, <u>Q</u>
HTG10	I, L, M, <u>Q</u> , P, R, S, T	I, K, L, <u>M</u> , N, O, P, Q, R, S	I, J, K, L, M, N, O, P, Q, <u>R</u> , S	I, K, L, <u>M</u> , N, O, P, Q, R, S
VHL20	I, L, M, N, P, <u>Q</u> , R	I, J, L, <u>M</u> , N, O, P, Q, R	<u>I</u> , J, K, L, M, N, O, P, Q, R	I, J, M, <u>N</u> , O, P, Q, R
ASB2	I, K, <u>M</u> , N, O, Q	B, I, K, <u>M</u> , N, O, P, Q	B, I, J, K, M, N, <u>Q</u> , P, Q, R	B, I, K, M, <u>N</u> , O, P, Q, R
ASB17	F, H , I, K, M, <u>N</u> , O, Q, R	I, J, K, L, M, N, O, P, Q, R, <u>S</u> , T	G, I, J, K, M, N, <u>Q</u> , P, Q, R, S , W	F, G, I, K, <u>M</u> , N, O, P, Q, R, S
ASB23	I, <u>J</u> , L, S, U	I, J, K, L, <u>S</u> , U	G , H , I, J, <u>K</u> , L, Q , R, S, T, U	I, K, L, S, <u>U</u>
CA425	J, L, M, <u>N</u> , O	J, K, L, M, <u>N</u> , O	F , G, H , I, J, K, L, M, N, <u>Q</u> , P	G, I, J, K, L, M, <u>N</u> , O
LEX3	H, <u>L</u> , M, N	E , F, G , H, I, J, K, <u>L</u> , M, N, O, P	F, H, I, J, K, <u>L</u> , M, N, O, P	F, H, I, K, <u>L</u> , M, N, O, P

Tučně zvýrazněné – primární alely pro dané plemeno, podtržené – alely s nejvyšším výskytem. Vysoká genetická variabilita byla zjištěna u huculského koně.

2.9 Starokladrubský kůň

2.9.1 Charakteristika a ochrana genového zdroje

Obrázek č. 7.: Starokladrubský kůň (<http://www.aschk.cz>)



2.9.2 Historie plemene

Starokladrubský kůň byl vyšlechtěn v českém dvorském hřebčíně Kladrubech nad Labem, který byl založen roku 1563 císařem Maxmiliánem II.. Roku 1579 povýšil Rudolf II. koňskou oboru na císařský dvorní hřebčín. Tento rok se zapsal jako oficiální pro založení hřebčína. Starokladrubský kůň vznikl křížením domácích koní s koňmi starošpanělskými a staroitalskými. Zakladatelem současných linií běloušů GENERALE a ENERALLISMUS byl vraník Peppoli, narozený v roce 1764 v severní Itálii. Původní linií starokladrubských vraníků jsou linie SACRAMOSO a NAPOLEONE. Ve 20. – 30. letech 20. století bylo stádo vraníků zrušeno. Z původního stáda zachránil prof. Bílek a jeho následovníci 10 klisen a 3 hřebce linie SACRAMOSO, kteří byli použiti v projektu záchrany plemene. V roce 1974-1985 působil v chovu starokladrubského vraníka frízský hřelec Romke. Romke posloužil k jednorázovému přilítí krve, za účelem rozšíření krevní základny, zvětšení tělesného rámce koní a využití výrazné dědivosti vraného zbarvení bez odznaků. Od 70. let stavy kladrubských koní postupně rostou a v polovině 90. let tvoří chovnou populaci 228 klisen a 30 plemeníků. V roce 1995 bylo plemeno starokladrubského koně uznáno jako státní kulturní památka (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Kromě hřebčina v Kladrubech nad Labem, kde je cca 150 plemenných klisen, 37 plemenných hřebců, existují ještě 4 soustředěné privátní chovy a 71 chovatelů s menším počtem plemenných klisen.

Tabulka č. 3.: Přehled zakladatelů čistokrevných klasických kmenů starokladrubských koní (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Název	Barva	Rok naroz.	Plemeno	Původ
Generale	Bělouš	1787	Starokladrubské	Slovensko
Generalissimus	Bělouš	1787	Starokladrubské	Slovensko
Sacramoso	Vraník	1800	Starokladrubské	Morava
Napoleone	Vraník	1845	Italsko-španělské	Itálie
Solo	Vraník	1927	Starokladrubské	Hřebčín Kladruby n.L.
Favory	Plavák	1779	Starokladrubské	Hřebčín Kladruby n.L.

Tabulka č. 4. Vývoj početních stavů genetického zdroje v národním hřebčíně (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Rok	Klisny		Hřebci	
	Bělouš	vraník	Bělouš	Vraník
2001	64	69	12	10
2002	67	66	12	9
2003	73	67	14	11
2004	81	74	15	12
2005	74	65	19	13
2006	76	71	21	13
2007	73	70	21	17
2008	65	71	19	18
2009	59	68	17	17
2010	63	74	17	16
2011	63	72	20	14

Tabulka č 5. Vývoj početního stavu genetického zdroje v zemském chovu

(Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Rok	Počet chovů	Klisny		Hřebci	
		bělouš	vraník	bělouš	vraník
2001	84	48	73	10	8
2002	87	56	78	9	8
2003	103	77	83	9	9
2004	119	93	91	8	10
2005	120	89	98	8	9
2006	134	92	100	7	11
2007	142	92	109	10	10
2008	150	96	108	8	9
2009	157	101	116	10	11
2010	158	100	121	10	13
2011	169	100	118	9	14

2.9.3 Charakteristika plemene

Velmi ušlechtilý, harmonický, jezdecko-kočovní teplokrevný kůň typu mohutného galakarosiera, krátce obdélníkového rámce (152-157 cm), s ušlechtilou, suchou, mírně klabonosou hlavou. Středně dlouhým, silným, klenutým, vysoko nasazeným krkem. Nevýrazným kohoutkem, často volnější, kratší horní linií, skloněnou svalnatou zádí, strmější svalnatou plecí, hlubokou širokou hrudí, kratším, hlubším trupem, středně silným, suchým fundamentem s dobrými, tvrdými kopyty, s postojem v předu korektním, vzadu často sblíženým v hleznech. Barvou je bělouš, méně často vraník (Sambraus, 2006).

Starokladrubský kůň vyniká i fyziologickými vlastnostmi. Má pevnou konstituci, dobrou plodnost, vytrvalost a dožívá se vysokého věku (Štrupl, 1983).

2.9.4 Zařazování jedinců do Národního programu uchování a využívání genetických zdrojů zvířat

Do Národního programu jsou zařazeni jedinci genové rezervy zapsáni v plemenné knize STKL koní se známým původem, navazujícím na původní zakladatele kmenů a rodin toho plemene. Kůň by měl absolvovat a splňovat stanovená kritéria zkoušek výkonnosti. Limitujícím faktorem pro zařazení jedince do GZ je původ, typ, exteriér a mechanika pohybu.

2.9.5 Uchování in situ

Program uchování a využití genetického zdroje vychází ze šlechtitelského programu plemene starokladrubský kůň, stanoveného Radou PK a garantovaného jeho nositelem NH Kladruby nad Labem. Záměrem chovu genového zdroje je zachování pokud možno co nejširšího spektra genů, které se v současné době vyskytují v celé populaci. Cílem šlechtění je mimo jiné i zachování specifických a ojedinělých vlastností tohoto plemene koní s velkou historickou hodnotou (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Postup šlechtění se řídí šlechtitelským programem, který vychází ze systémového opatření směřujících k zajištění šlechtitelského cíle.

2.9.6 Struktura populace a chov starokladrubského koně

Současná populace starokladrubských koní má přibližně v České republice 1700 jedinců, tj. plemenných hřebců, klisen, dorostu a pracovních koní. Početní stavy jsou uvedeny v tabulkách č.. Národní hřebčín v Kladrubech nad Labem chová variantu běloušů a v hřebčíně Slatiňany variantu vraníků. V soukromých chovech se nyní chová téměř dvojnásobek počtu zvířat zařazených do genových zdrojů než v NH Kladruby nad Labem. Počet soukromých chovatelů v roce 2012 dosahoval 164 (Dyková, Šancová, 2013).

Tabulka č 6. Vývoj početních stavů populace GZ – Národní hřebčín Kladruby nad Labem (Dyková, Šancová, 2013)

Rok	Plemenní hřebci v GZ (B+V)	Plemenné klisny v GZ (B+V)	Plemenné klisny celkem (B+V)
2003	25 (14+11)	140 (73+67)	155 (83+72)
2004	27 (15+12)	143 (76+67)	157 (85+72)
2005	32 (19+13)	139 (74+65)	153 (83+70)
2006	34 (21+13)	147 (76+71)	162 (87+75)
2007	38 (21+17)	143 (73+70)	159 (85+74)
2008	37 (19+18)	136 (65+71)	152 (77+72)
2009	34 (17+17)	127 (59+68)	138 (67+71)
2010	33 (17+16)	137 (63+74)	152 (74+72)
2011	34 (20+14)	135 (63+72)	149 (74+75)
2012	33 (18+15)	129 (60+69)	144 (72+72)

B – bělouš, V - vraník

Tabulka č 7. Vývoj početních stavů populace GZ – soukromý chov (Dyková, Šancová, 2013)

Rok	Plemenní hřebci v GZ (B+V)	Plemenné klisny v GZ (B+V)	Plemenné klisny celkem (B+V)	Počet chovatelů
2003	18 (9+9)	160 (77+83)	237 (121+116)	103
2004	16 (7+9)	186 (92+94)	260 (138+122)	119
2005	17 (8+9)	187 (89+98)	272 (144+128)	120
2006	18 (7+11)	192 (92+100)	275 (136+139)	134
2007	20 (10+10)	201 (92+109)	287 (138+149)	142
2008	17 (8+9)	204 (96+108)	305 (1+154)	150
2009	21 (10+11)	217 (101+116)	330 (161+169)	157
2010	23 (10+13)	221 (100+121)	333 (143+179)	158
2011	23 (9+13)	218 (100+118)	356 (168+188)	169
2012	22 (8+14)	221 (99+122)	347 (165+182)	164

B- Bělouš, V - vraník

2.10 Huculský kůň

Huculský kůň (obrázek č. 8.) je přímý potomek divokého koně tarpana. Jsou starým plemenem a jejich kostry byly nalezeny již ve starogermánských hrobech. Pochází z lesních oblastí z karpatského masivu a pojmenování dostali podle svých chovatelů, Huculů. Huculští koně jsou typicky horští, vyrostli na strmých loukách a v drsném klimatu. Vyznačují se skromností, velmi dobrým zdravotním stavem a plodností. Na kamenitých stezkách se pohybují neobyčejně obratně, obyvatelé je odedávna využívali jako spolehlivé a výkonné soumary či koně jezdecké. Rakouská vojenská správa si je kdysi vyhlédla pro armádní účely: v Karpatské Lučině založila organizovaný chov. Navázal na něj i chov Humlů v Čechách a na Slovensku. V roce 1922 jsme převzali z Lučiny část stáda, ostatní koně byli prodáni do Polska a Rumunska (Mahler, 1995).

Po druhé světové válce začal chov těchto koní upadat, kolem roku 1970 již zvířatům hrozilo vyhynutí. O jejich záchranu se zasloužila skupina mladých nadšenců. Za peníze vydělané v lese zakoupili na Muráni v Nízkých Tatrách první čtyři klisny. Elán zachutánců postupně získal sympatie a podporu široké veřejnosti doma i v zahraničí. V roce 1972 byl založen Hucul klub se sídlem v osadě Zmrzlík u Prahy, aktivní pomoc nabídly organizace TIS, později vzniklý ČSOP. Na obnově huculských koní se podíleli též pracovníci Vysoké školy veterinární v Košicích, slovenského hřebčína Topolčianky. Během pěti let se počet Humlů zdvojnásobil a v roce 1987 vzrostly stavy huculských koní již natolik, že první u nás odchovaná zvířata se mohla navrátit do své domoviny (Mahler, 1995).

Hucul je malý horský kůň, výška v kohoutku 150 cm, obvod hrudníku 175 cm, obvod holeně 18,5 cm a hmotnost přibližně 450 kg. Vyskytuje se ve dvou typech. První typ je ušlechtilejší, jemnější, se štíčí hlavou, např. kmen Hroby. Druhý typ je hrubší, s masitou delší hlavou, např. kmen Goral. Hlava je tedy ušlechtilá až štíčí, nebo hrubá až skoro klabonosá, nebo rovná. Krk široký s tukovým hřebenem. Hřbet je vždy pevný a záď kulatá. V prsou je široký, hrudník hluboký. Končetiny by měl mít suché, bez rousů, s tvrdým pevným kopytem. Zadní končetiny mají často kravský postoj (Štrupl, 1983). Zbarvením jsou hnědáci, plaváci a ryzáci s úhořím pruhem na zádech. Fyzicky dospívá v 5 až 6 letech a dožívá se vysokého věku.

Obrázek č. 8: Huculský kůň (www.horses-online.cz)



2.10.1 Stav populace huculského koně

Od června 1998 je ustanovena první česká plemenná kniha huculského koně, řízena řádem PK schváleným Mze ČR. Nositelem PK je Asociace chovatelů huculského koně se sídlem v Pardubicích, jako „Uznané chovatelské sdružení“ podle § 3 zákona č.154/2000 Sb. V současné době je v PK vedeno 24 hřebců cca 450 klisen nestejně genetické kvality. Vyhovují však podmínkám řádu PK, včetně pomocných oddílů. V řadě případů jde o křížence, zejména s koněm fjorským, který byl v dřívější době používán v Topolčiankách na Slovensku, odkud k nám byla tato zvířata importována. Vyskytují se i kříženci s chladnokrevnými plemeny (Národní program uchování a využívání genetických zvířat, 2007).

Stupeň příbuzenské plemenitby vybraného jádra populace klisen se pohybuje na úrovni koeficientu plemenitby $F_{(x)} = 3,24$. K tomuto účelu je každoročně prováděn výpočet všech možných hypotetických kombinací s vybranými plemeníky v GZ, k možnosti usměrnění přípařovacích plánů. Současně je vytvořena rozhodující část dokumentace fotobanky klisen v GZ a průběžně doplňovány barevný katalog huculského koně (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

V roce 1972 bylo založeno sdružení pro záchranu huculského koně s názvem Hucul Club. V té době se na naší planetě vyskytovalo 300 čistokrevných jedinců toho

plemene. Cílem tohoto sdružení je zachránit huculského koně a najít mu nové uplatnění v moderním světě (Hucul Club, 2009).

2.10.2 Plemenitba a šlechtění

Plemenitba a šlechtění je realizována v souladu se schváleným šlechtitelským programem pro toto plemeno. V rámci plemene se využívá výhradně čistokrevná plemenitba mezi jedinci zapsanými v PK huculského koně, použití jiných plemen se nepředpokládá.

V současné době jsou do plemenitby nově zařazováni pouze čistokrevní plemenci bez příměsí jiných cizorodých plemen. Aktuální populace plemeníků určený pro celou populaci huculského koně v ČR již obsahuje minimální počet hřebců s přípustnou hranicí cizorodých genů 3,125% v páté generaci (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Účelem šlechtitelského programu je vytvořit kvalitní odborný základ pro další chov odpovídající jeho historické, hospodářské i vědecké hodnotě, zabezpečující perspektivní existenci kvalitní chovné populace huculského koně, jakožto genové rezervy ve smyslu zákona. Šlechtitelský program navazuje na podobné programy v ostatních zemích, kde je čistokrevný huculský kůň v současnosti chován. Tím vytvářejí podmínky pro mezinárodní spolupráci na záchraně a uchování vzácného huculského koně. K tomuto cíli byla v roce 1994 založena Mezinárodní federace huculského koně – HIF (Hucul International Federation). Šlechtitelský program huculského koně stanoví chovný cíl, standart plemene, metody a postupy šlechtění celé populace s tím, že bude průběžně aktualizován. Současně je vodítkem pro usměrňování šlechtitelského procesu u jeho chovatelů (Šlechtitelský program huculského koně, 2009).

2.10.3 Udržování huculského koně

Cílem chovu genetických rezerv není konzervace bez dalšího pokroku, ale setrvalé zlepšování, to znamená šlechtění v rámci podmínek, v nichž se daný genetický zdroj vyvíjel a adaptoval, s ohledem na jeho příští možné využití. Je nutno zajistit uchování co nejširší škály jedinců s rozličným genotypem pro potenciální využití

v budoucnu. Tato skutečnost se v řadě případů střetává s komerčními zájmy a podmínkami chovatelů. Dotace poskytovaná v rámci Národního programu proto kompenzuje již zmíněné ztížené chovatelské podmínky.

Podle výsledků genetických analýz plemenků bude postupně přistoupeno k záměrnému připařování podle individuálního připařovacího plánu, aby bylo dosaženo maximálního rozšíření a využití všech dostupných genů v populaci (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Tabulka č 8. Struktura populace huculského koně (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007)

Rok	Plemenná klisna	Plemenný hřebec
2001	180	19
2002	147	22
2003	156	26
2004	163	25
2005	167	21
2006	175	18
2007	175	15*
2008	164	17
2009	172	19
2010	146	18
2011	142	18

*Předpoklad pro připouštěcí sezónu 2008 po vytřídění genově nevyhovujících hřebců

2.11 Českomoravský belgický kůň

Populace českomoravského belgického koně se utvářela v Čechách a na Moravě ve specifických přírodních podmínkách v posledních cca 120 letech na bázi importů valonských (1880-1900), ardenských, ale hlavně belgických (1880-1930) hřebců a několika originálních belgických klisen (NRS, 2007).

Až do druhé poloviny 19. století byl na území ČR chován převážně teplokrevný kůň. Pak vznikla potřeba hospodářsky využitelnějších typů koní a v krátkém čase se rozvinul chov chladnokrevných belgických koní, jejichž dovoz končí v roce 1924.

Přes určité rozdíly v typech chovaných v Čechách a na Moravě vznikl postupně jednotný typ českomoravského belgika, který se liší od ostatních zahraničních belgických plemen chladnokrevných koní.

Názvem českomoravský belgický kůň (ČMB) byla v roce 1991 označena cca 800 členná, reprodukčně aktivní populace chladnokrevných hřebců a klisen chovaných v ČR (VOLENEC, TEPLÝ, 2004).

2.11.1 Charakteristika plemene

Českomoravský belgik (obrázek č. 9) se výrazně liší od typů ostatních zahraničních belgických plemen chladnokrevných koní. Je typově lehčí, bez přehnané robustnosti, velmi pohyblivý s výraznými chody a relativně ušlechtilý, výkonnostně velmi spolehlivý i v maximálním nároku na tažnou sílu. Je velmi dobře ovladatelný (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Má menší ušlechtilou hlavu s živým okem, kratší vysoko nasazený krk, dobře utvářenou lopatku, hluboký a prostorný hrudník. Kratší středotrupí s dobrou horní linií, kratší pevná bedra, mohutná, dlouhá, široká, skloněná a štěpená zád'. Fundament suchý, kostnatý, klouby výrazné, spěnka kratší a pružná. Převažující barvou je ryzák s bohatou světlou hřívou a ohonem s typickými rousy (RFP EUROP, 2004). Kůže tmavě pigmentovaná, výskyt bílých odznaků na hlavě a končetinách (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007). Převažující barvou je ryzák s bohatou světlou hřívou a ohonem s typickými rousy (NRS, 2007).

Plemeno se vyznačuje ranějším dospíváním cca ve 3 letech stáří, dlouhověkostí, dobrou plodností, pevnou konstitucí, adaptabilitou pro různá prostředí a dobrou krmitelností (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Zařazování jedinců do programu do Národního programu jsou zařazeni jedinci genové rezervy se známým původem po absolvování zkoušek výkonnosti, jejichž oba rodiče jsou zapsáni v Hlavní plemenné knize, nebo plemenné knize ČMB. Limitujícími faktory pro zařazení jedince do GZ jsou především výkonnost (mechanika pohybu, ochota, pracovitost – viz Zkušební řád ČMB), původ (ve třetí generaci max. 1 předek jiného plemene nežli ČMB) a exteriér (stavba těla, končetin,

typ, rámec – viz Řád PK ČMB) (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

Obrázek č. 9 Českomoravský belgický kůň (<http://www.equichannel.cz/kone-v-akci-2010?foto=2855>)



2.11.2 Uchování in situ

Program uchování a využití genetického zdroje vychází ze šlechtitelského programu plemene Českomoravský belgický kůň, stanoveného Asociací svazů chovatelů koní ČR. Cílem šlechtění je zachování specifických vlastností plemene. Zároveň však naší snahou zachování pokud možno co nejširšího spektra genů vyskytujících se v populaci (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

2.11.3 Uchování ex situ

Kryokonzervace (konzervace ex situ) je důležitou součástí konzervace genetických zdrojů za doplňkem konzervace in situ. Kryokonzervace (zmrazení) biologického materiálu je funkcí cílů specifických kryokonzervačních programů, které se opírají o strategii a taktiku. Naším cílem je především odběr a zmrazení spermatu hřebců, a to: přednostně u ohrožených linií – minimálně 50 – 100 inseminačních dávek, od každého hřebce v ohrožené linii, od genově nejkvalitnějších hřebců těchto linií,

100 – 150 inseminačních dávek od hřebce, od každého hřebce zařazeného do plemnitby 50 – 100 inseminačních dávek. Samičí biologický materiál nebude vzhledem k technologické náročnosti jeho získávání uchováván (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

2.12 Slezský norický kůň

Obrázek č. 10.: Slezský norik (<http://sas.srs-vodnany.cz>)



Norici jsou považováni za nejčistšího potomka původního divokého koně západního. Jméno Norik získali od římské provincie Noricum, která se rozkládá na území dnešního Rakouska, části Švýcarska a Bavorska.

V ČR se rozšířil především na severní Moravě a Slezsku, kde se utvářeli ve specifických přírodních podmínkách cca 120 let na bázi importů originálních norických hřebců rakouské a bavorské provincie. Bylo realizováno převodné křížení na chladnokrevné klisny domácí provenience s cílevědomou plemnitbou a selekcí vznikla postupně populace chladnokrevných koní adaptovaných na místní podmínky, splňující parametry samostatného plemene (RFP EUROP, 2004).

2.12.1 Charakteristika plemene

Slezský norik se vyznačuje středně velkým až velkým obdélníkovým rámcem těla s dobrým osvalením. Hlava je velká, suchá, ušlechtilá, s oválnou očnicí. Krk je vysoko nasazený, střední až dlouhý, klenutý, s často mírně výrazným kohoutkem. Dlouhá a dobře úhlovaná lopatka umožňuje vydatný i prostorný chod. Hrudník je středně hluboký, široký, oválný, středně dlouhý, se středně dlouhou volnějším linií. Bedra jsou dlouhá, pevná a dobře vázaná. Zád' je mohutná, středně široká a dlouhá, oválná, mírně štěpená a svažitá. Fundament je suchý, kostnatý, klouby a šlachy výrazné. Kopyta jsou pevná, pružná a dobře utvářená. Spěnka je krátká až středně dlouhá, pevná a pružná (RFP EUROP, 2004).

Kůň je pracovitého, dobrého charakteru, dobře ovladatelný, dobře pohyblivý. Je odolnější a vytrvalejší než belgik. Je mohutný kůň se silnou kostrou, méně ušlechtilý (NRS, 2007). Převážně ryzáci až tmaví ryzáci, v menší míře hnědáci, omezeně vraníci a nevybělující bělouši. Výskyt bílých odznaků na hlavě a končetinách. Kůže tmavě pigmentovaná. Z analýzy, která byla realizovaná v roce 2003 je patrné, že 76 % aktuální populace klisen SN je tvořeno převážně ryzkami až tmavými ryzkami, 19 % převážně hnědkami až tmavými hnědkami a vzácností jsou vranky (2 %) a nevybělující bělouši (2 %) (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

2.12.2 Uchování in situ

Bude nadále realizován chov hřebců a klisen u privátních chovatelů a držení státních hřebců Zemskými hřebčinci (Písek, Tlumačov). Bude realizován systém rotačního využívání nejkvalitnějších hřebců, zástupci jednotlivých linií v jednotlivých oblastech s chovem SN klisen, nejkvalitnější mladí remontní hřebci budou po udělení výběru k plemenitbě využiti intenzivně v plemenitbě. (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

2.12.3 Uchování ex situ

Cílem je odběr a zrazení spermatu hřebců, a to přednostně u ohrožených linií 50 – 100 inseminačních dávek od každého hřebce v ohrožené linii, od genově nej kvalitnějších hřebců těchto linií, 100 – 150 inseminačních dávek od hřebce, od každého hřebce zařazeného do plemenitby 50 – 100 inseminačních dávek. Samičí biologický materiál nebude vzhledem k technologické náročnosti jeho získávání uchován (Národní program uchování a využívání genetických zdrojů zvířat, 2007).

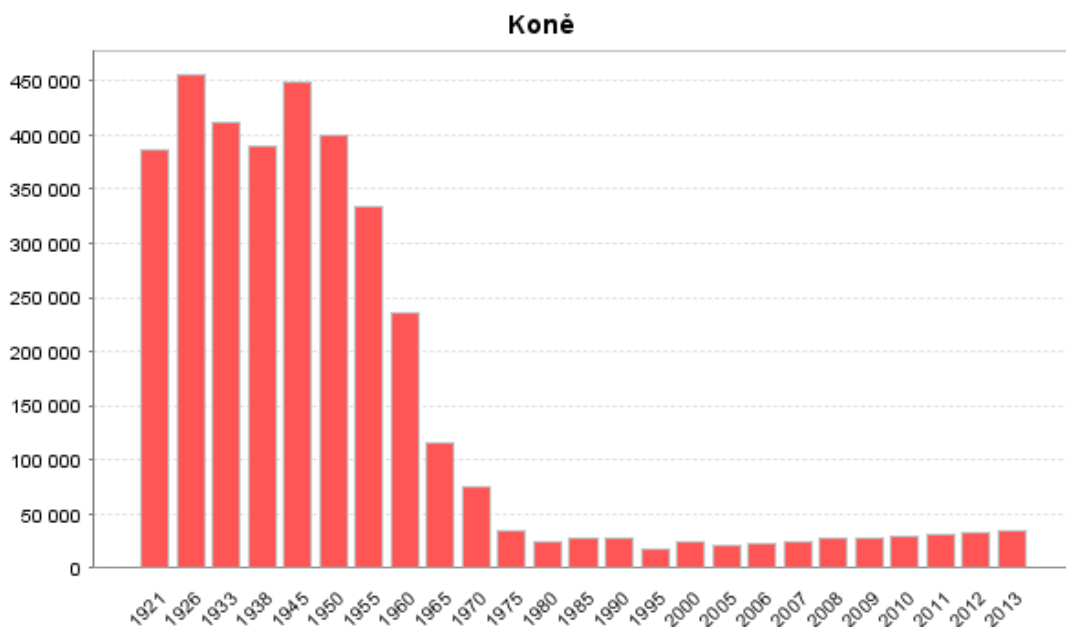
2.13 Plemena koní a vývoj stavu koní v České republice

Čechy, „srdce Evropy“, bylo po staletí křížovatkou obchodních cest, po nichž šlapaly zástupy koní táhnoucích normanské vozy, ubíraly se tudy při válečných taženích nesčetné proudy kavalérie, koní osedlaných husary a dragouny, koně zapřažení do pluhů proměnili zem v úrodná pole. Utěšený vzhled naší krajiny stvořila práce člověka a koně. Státisíce koní nejrůznějších plemen tudy prošly, tisíce zde zůstali či zanechali potomstvo, odedávna tu žily početné stavy. Chov však byl značně živelný, cílevědomé řízení se počalo prosazovat až do druhé poloviny 18. století. V roce 1763 vydala Marie Terezie patent, první zákonné opatření usměrňující plemenitbu koní, její syn Josef II. v reformním díle pokračoval. V českých zemích byl převážně chován mnohostranný užitkový kůň – teplokrevník, spíše jezdeckého typu. Hospodářské práce však vyžadovaly koně silné a těžké. Přicházeli k nám z jihu: noričtí hřebci vozili ze Solnohrad přes naše území po známé evropské cestě sůl. Jihočeským sedlákům se zamlouvali, formani si rádi za „skočné“ svých hřebců přivydělali, a tak se „norici“ hojně křížili se selskými klisnami (v jižních Čechách se tím dal základ dříve tzv. „netolickému koni“). Od poloviny minulého století sem též byli importováni belgičtí koně – ti rovněž přispěli k vytvoření českých a moravských chladnokrevníků (Mahler, 1995).

Daleko početnější je náš teplokrevný chov. Vytvářel se výběrem kvalitních koní a prochovaných plemen – anglických plnokrevníků a polokrevníků, koní arabských, lipických, anglonormanských, východofríských a oldenburských. K nim v posledních desetiletí přibyli ještě koně trakhenští a hannoverští. Ti se podíleli na vzniku českého teplokrevníka (Mahler, 1995).

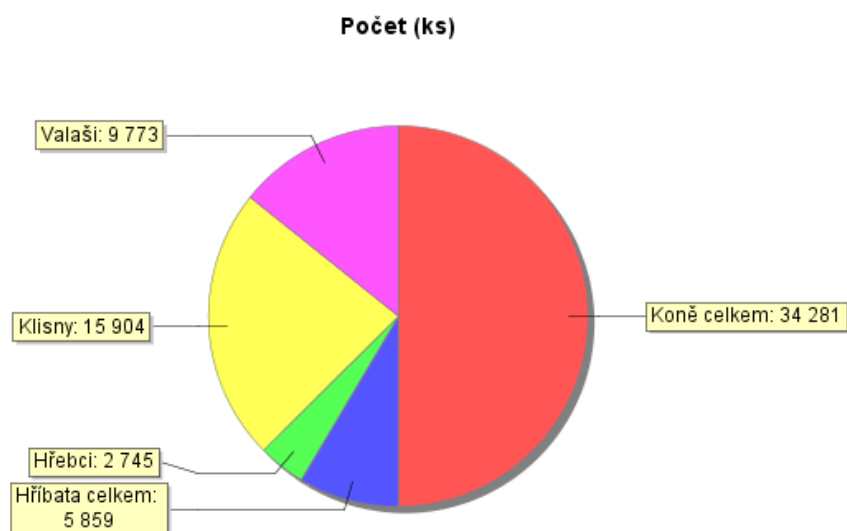
Kolekci u nás chovaných plemen koní doplňuje kůň kladrubský, naše národní chloubka, kůň Kinského (druhá naše původní rasa koně), anglický plnokrevník, Shagya-arab, plnokrevný arab, hucul a některá dovážená plemena (hafling, welsh pony, achalteké, appaloosa) (Mahler, 1995).

Graf č 1. Vývoj stavů koní v České republice v letech 1921 – 2013 (VDB.CZSO, 2013)

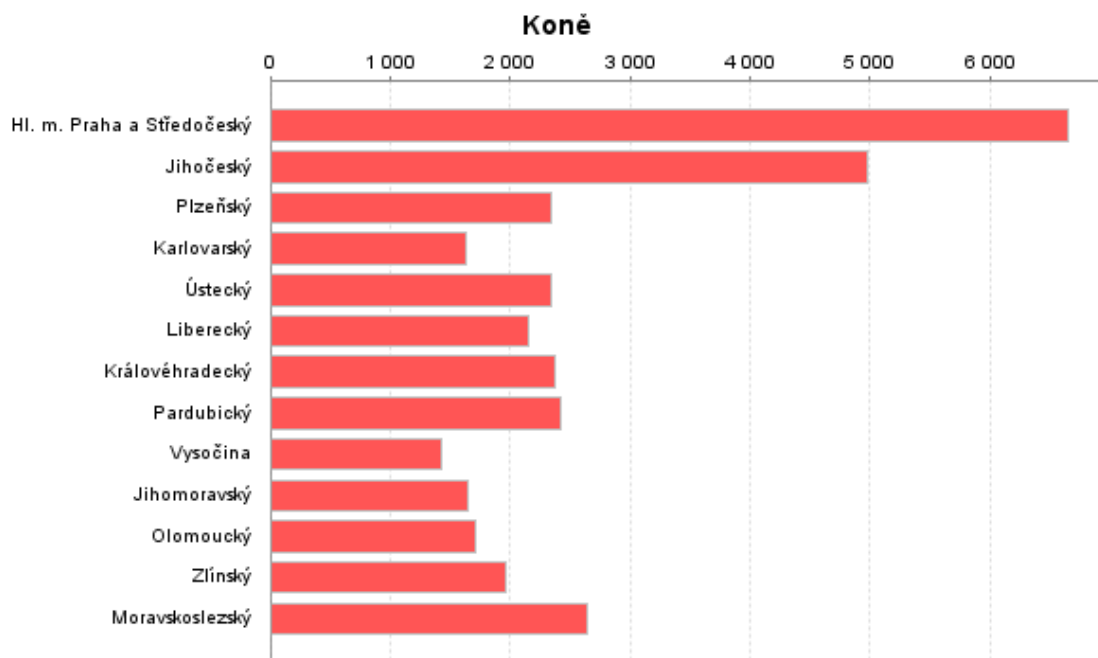


Nejvíce koní bylo v letech 1926 a 1950. Jejich počet byl něco přes 450 000 koní. Po roce 1950 začal počet koní klesat a nejméně jich bylo v letech 1995. V dnešní době se nárůst koní zvyšuje.

Graf č. 2. Rozdělení koní v roce 2013 (VDB.CZSO, 2013)



Graf č. 3. Počet koní pro určité okresy v roce 2013 (VDB.CZSO, 2013)



Koně se nejvíce chovají v středočeském kraji a v okolí hlavního města Prahy. Jejich počet je skoro 7000. Nejméně koní je na Vysočině, přibližně 1600 koní.

3 Závěr

Hlavním cílem zachování biodiverzity je uchování rozmanitosti jednotlivých druhů a prostředí, ve kterém se druhy nacházejí. Hospodářská zvířata jsou nedílnou součástí biodiverzity a měla by být chráněna, zejména plemena málopočetná. Důvodem ochrany je nejen zachování z kulturně-historických důvodů, ale také z genetických. Aby tato plemena přežila, je nutné udržet jejich genetickou variabilitu, neboť plemena díky jednosměrnému intenzivnímu šlechtění variabilitu ztrácí.

Pokrok v analýze genetických markerů umožňuje posouzení vzájemné příbuznosti nejrůznějších druhů a populací, ať již vymřelých nebo žijících. Je zde tedy možnost, že ohrožené druhy a plemena mohou být zachovány a udrženy.

V této práci je popisována genetická variabilita, její význam. Jsou popsány genetické markery, používané pro hodnocení variability, statistické metody kvantifikace variability.

Práce je zaměřena na čtyři plemena koní, chovaná v České republice, a to na dvě plemena teplokrevná, starokladrubského koně a huculského koně, a na dvě plemena chladnokrevná, českomoravského belgického koně a slezského norika.

Uvedená plemena jsou v České republice zařazena do programu ochrany genetických zdrojů koní. V jejich populaci se chovatelé a šlechtitelé snaží o udržení dostatečné genetické variability, k čemuž pomáhá genetická analýza rodokmenů a analýzy na genové úrovni. Cílem je zachování původního plemene. Jsou popisovány způsoby ochrany genetických zdrojů.

4 Literární přehled

ACHHK (2009): Šlechtitelský program huculského koně (on line), (cit. 20. 3. 2014), dostupné na <http://www.hucul-achhk.cz/>.

ACHMANN R., CURIK I., DOVC P., KAVAR T., BODO I., HABE F., MARTI E., SOLKNER J., BREM G. (2004): Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse, *Animal Genetic*, 35, 285-292.

AZOR P. J., VALERA M., GOMEZ M. D., GOVACHE F., MOLINA A. (2007): Genetic characterization of the Spanish Trotter horse breed using microsatellite marker, *Genetics and Molecular biology*, 30 (1), 37-42.

BARCACCIA G., FELICETTI M., GALLA G., CAPOMACCIO S., CAPPELLI K., ALBERTINI E., PIERAMATI C., SILVESTRELLI M., SUPPLIZI A. V. (2013): Molecular analysis of genetic diversity, population structure and inbreeding level of the Italian Lipizzan horse, *Livestock Science*, 151, 198-202.

BARCLAY, H. B (1980): *The Role of the Horse in Man's Culture* JA Allen, London. JA Allen, 31, 42-45.

BEGON, M.; HARPER, J. L.; TOWNSEND, C. R. (1997): *Ekologie: jedinci, populace, společenstva*, Olomouc: Vydavatelství univerzity Palackého, 949 str., ISBN: 80-7067-695-7.

BENIRSCHKE K., MALOUF N., LOW R. J., HECK H. (1965): Chromosome complement: differences between *Equus caballus* and *Equus przewalskii*, *Poliakoff. Science*, 148, 382-383.

BOKOR A., JONAS D., DURCO B., NAGY I., BOKOR J., SZABARI M. (2013): Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population, *Livestock Science*, 151, 1-10.

BOUMAN D. T., BOUMAN J.G. (1994) *The history of Przewalski's Horse*. 5–38 in: *Przewalski's horse: The History and Biology of an Endangered*, State University of New York Press, Albany

BRENTJES, B. (1979): *Jak zvířata zdomácněla*, Praha: Horizont, 126 str.

BULLA J. (1996): FAO a programy biodiverzity hospodárskych zvierat v Slovenskej republike. Biodiverzita v chove zvierat, Genetické, biotechnologické, organizačné a zdravotné aspekty uchovania génových rezerv v chove zvierat, VÚŽV Nitra.

CIESLAK M., PRUVOST M., BENECKE N., HOFREITER M., MORALES A., REISSMANN., LUDWIG A. (2010): Original and History of Mitochondrial DNA Lineages in Domestic Horses. PlosONE 5 (12) (cit. 10. 1. 2014), dostupné on line: <http://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0015311>.

CURIK I., ZECHNER P., SÖLKNER J., ACHMANN R., BODO I., DOVC P., KAVAR T., MARTI E. AND BREM G. (2003): Inbreeding, Microsatellite Heterozygosity, and morphological Traits in Lipizzan Horses, Journal of Heredity, 94 (2), 125-132.

ČESKÝ STATISTICKÝ ÚŘAD (2013): Veřejná databáze ČSÚ, (on line), (cit. 30. 3. 2014), dostupné na <http://vdb.czso.cz/vdbvo/uvod.jsp>.

DOVC P., KAVAR T., SÖLMNER H., ACHMANN R. (2006): Development of the Lippizan Horse Breed, Reproduction in Domestic Animals, 41, 280-285.

DYKOVÁ Z., ŠANCOVÁ Z. (2013): Výroční zpráva Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů hospodárskych zvierat a ďalších živočichů využívaných pro výživu, zemědělství a lesní hospodárství za rok 2012.

DVOŘÁK J., VRTKOVÁ I. (2001): Malá genetika prasat II. Brno: MZLU v Brně, 91 str., ISBN: 80-7157-521-6.

FLEGR J. (2005): Evoluční biologie. Praha: Academia, 559 s., ISBN: 80-200-1270-2.

GARANT D., KRUK L. E. B. (2005): How to use molecular marker data to measure evolutionary parameters in wild populations, Molecular Ecology, 14 (7), 1843-1846.

GOLDSTEIN D. B., SCHLÖTTERER CH. (1999): Microsatellites, Evolution and Applications, Oxford University Press, 336 str.

GRIME J. P. (1979): Plant strategies a vegetation processes, New York: John Wiley, ISBN: 0-471-99695-5.

GROVES, C. P. (1994): Morphology, habitat, and taxonomy. In Przewalski's horse – The history and biology of an endangered species (BOYD L., HOUP T K. A.): Albany: State University of New York Press, 39-60.

HAGELBERK E., GOLDMAN N., LIÓ P., WHELAN S., SCHIEFENHÖVEL W. CLEGG J. B., BOWDEN D. K. (1999): Evidence for mitochondrial DNA recombination in a human population of island Melanesia, Proceedings of the Royal Society B, 266, 485-492.

HEINEY, P. (1991): George Soper's Horses Houghton Mifflin, Boston: Houghton Mifflin, 54, 14-26.

HOLASOVÁ S., RADILOVÁ H., BUNČEK M. (2006): Praktická cvičení z molekulární genetiky. Praha, Karolinum, 47 str.

HUCUL CLUB (2009) (on line), (cit. 6. 4. 2014) dostupné <http://huculclub.eu/index.html>.

HROUZ J., ŠUBRT J., POLÁCH P. (1997): Vznik a současný stav vývoje plemen hospodářských zvířat. Sborník referátů mezinárodního semináře “Genofond hospodářských zvířat”, Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, Brno, 51 str.

HRUBAN V., MAJZLÍK I. (2000): Obecná genetiky. 1. Vyd. Česká zemědělská univerzita. Praha, 316 str., ISBN: 80-231-0600-9.

KAKOI H., TOZAKI T., GAWAHARA H. (2007): Molekular analysis using mitochondrial DNA and microsatellites to infer the formation process od Japanese native horse populations, Biochemical Genetisc, 45 (3/4), 375-95.

KNOLL A., VYKOUKALOVÁ Z. (2002): Molekulární genetiky zvířat (Metody detekce polymorfizmů DNA genů). Brno: MZLU v Brně, 168 str. ISBN: 80-7157-616-6.

KOULISCHER L., FRECHKOP S. (1966): Chromosome Complement: A Fertile Hybrid between Equus priewalskii and Equus caballus, Science, 151, 93-95.

KOURKOVÁ L., VRTKOVÁ I., ŠRUBAŘOVÁ P. (2009): Microsatellite DNA analysis of genetic diversity in selected horse population, Journal of Agrobiology, 26 (1), 57-60.

- KOVÁŘ P. (1952): Ekosystémová a krajinná ekologie. Praha, Karolinum, 166 str. ISBN: 978-80-246-2044-2.
- KOVÁŘ P. (2000): Geobotanika. Praha, 105 str. ISBN: 80-246-0359-4.
- KOVÁŘ P. (2008): Ekosystémová a krajinná ekologie: textové teze Praha, Karolinum, 89 str., ISBN: 978-80-246-1507-3.
- KUČERA, T. (1997) Vliv reliéfu na diverzitu vegetace. Praha. Disertační práce, Universita Karlova, Přírodovědecká fakulta, katedra botaniky, 128 str.
- KŮS E., (2008): Generální plemenná kniha koně Převalského: General studbook of the Przewalski horse, Zoologická zahrada Praha, 202 str. ISBN: 8085126028.
- LEVINE, M. A. (2005): The Domestic Horse: The Origins, Development, and Management of Its Behaviour: Cambridge University Press. Cambridge. 5-25, ISBN: 9780521891134
- LIPSKÝ Z. (1999): Krajinná ekologie pro studenty geografických oborů, Praha: Karolinum, Univerzita Karlova, 129 str. ISBN: 80-7184-545-0.
- LORANGE J. B. (2011): World Fengur - the studbook of origin for the Icelandic horse, Acta Veterinaria Scandinavica, 53, doi: 10.1186/1751-0147-53-S1-S5 .
- MAHLER, Z. (1995): Člověk a kůň, České Budějovice: Dona. 183 str., ISBN: 80-85463-52-0.
- MÁCHA J. (1993): Genové zdroje hospodářských zvířat. Sborník referátů z mezinárodní konference, Vysoká škola zemědělská v Brně a Státní plemenářský podnik Praha, 196 str.
- MAJERČIAK P., HETÉNYI L., PLESNÍK J., BULLA J., PIVKO J. (1993): Génové zdroje hospodářských zvířat na Slovensku. Sborník referátů z mezinárodní konference "Genové zdroje hospodářských zvířat", Vysoká škola zemědělská v Brně a Státní plemenářský podnik Praha.
- MARKLUND S., CHAUDHARY R., MARKLUND L., SANDBERG L., ANDERSSON L., (1995). Extensive mtDNA diverzity in horses revealed by PCR-SSCP analysis, Animal Genetics. 26, 193-196.

MÁTLOVÁ V. (2006): Genetické zdroje hospodářských zvířat a problémy jejich šlechtění. Sborník referátů ze semináře „Chov a šlechtění koní v současných ekonomických podmínkách“, Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, Brno.

MORA C., TITTENSORL D. P., ADL S., SIMPSON A. G. B., WORM B. (2011): How Many Species Are There on Earth and in the Ocean? PLoS Biology. 9 (8).

MORAVEC J. (1994): Fytocenologie Akademia, Praha, 404 str. ISBN: 80-200-0128-X.

NEČÁSEK J., CETL I. (1979): Obecná genetika, Praha, Státní pedagogické nakladatelství, 565 str., ISBN: 14-674-79.

NOWAK R. M. (1999): Walker's Mammals of the World . The Johns Hopkins University Press, Baltimore, USA and London, UK, 5. vydání, 2015 str., ISBN: 08101857899.

NÁRODNÍ PROGRAM KONZERVACE A VYUŽÍVÁNÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ ROSTLIN, ZVÍŘAT A MIKROORGANISMŮ VÝZNAMNÝCH PRO VÝŽIVU A ZEMĚDĚLSTVÍ (2006), Mze, Praha 1, (on line), (cit. 20. 3. 2014), dostupné na http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ_07_11.pdf.

NÁRODNÍ PROGRAM UCHOVÁNÍ A VYUŽÍVÁNÍ GENOVÝCH ZDROJŮ ZVÍŘAT (2007): (on line), (cit. 28. 3. 2014), dostupné na <http://www.genetickezdroje.cz>.

NRS (2007): Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat (on line), (cit. 28. 3. 2014), dostupné na <http://www.genetickezdroje.cz>.

OLSEN, S. L. (2006): Early Horse Domestication on the Eurasian Steppe: University Presses of California, Princeton, 116, 245-272.

OUTRAM A. K., STEAT N. A, BENDREY R., OLSEN S., KASPAROV A., ZAIBERT V., THORPE N., EVERSLED R. P. (2009). The Earliest Horse Harnessing and Milking, Science, 323, 1332-1335.

PAKLINA N., POZDNYAKOVA M. K. (1989): Why the Przewalski horses of Mongolia died out, Przewalski Horse, 24, 30-34.

- PLESNÍK, J. (2004): Biologická rozmanitost na Zemi: stav perspektivy. Praha, Scientia, 261 str., ISBN: 80-7183-331-2 : 1096.00.
- PLESNÍK J. (2005): In Ukazatele změn biodiverzity, Praha, Academia, 298 str., ISBN: 80-200-1386-5.
- RFP EUROP (2004): Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat, (on line), (cit. 28. 3. 2014). Dostupné na <http://www.genzdrojehz.wz.cz>.
- RICHARD M., THORPE R. S. (2001): Can Microsatellites Be Used to Infer Phylogenies? Evidence from Population Affinities of the Western Canary Island Lizard (*Gallotia galloti*), United Kingdom, School of Biological Sciences, University of Wales Bangor, 20, 351-360.
- ROGERS D. L., MILLAR C. I., WESTFALL R. D. (1996): Genetic Diversity within Species, Sierra Nevada Ecosystem, 2.
- ROSYPAL S., DOŠKAŘ., PANTŮČEK R., et al. (2001): Terminologie molekulární biologie. Brno: Grafex, 881 str., ISBN: 80-902562-3-6.
- ROUDNÁ (2004): Genetické zdroje rostlin a živočichů, Praha, MŽP, 60 str. ISBN: 80-7212-312-2.
- ROUDNÁ M., DOTLAČIL L. (2007): Genetické zdroje - význam, využívání a ochrana, Praha, 26 str. ISBN: 978 – 80- 7212-4695.
- ŘEHOUT V., DOTLAČIL L., (2005): Genetika II, Jihočeská univerzita, 189 str., ISBN: 80-7040-774-3.
- SAMBRAUS H. (2006): Atlas plemen hospodářských zvířat, 295 str., ISBN: 80-209-0344-5.
- SCHLK (2010): Svaz chovatelů lipického koně, (on line), (cit. 25. 2. 2014), dostupné na <http://www.schlk.wbs.cz/>.
- SIMPSON, G. G. (1951): Horses: The Story of the Horse Family in the Modern World and Through Sixty Million Years of History, Oxford University Press, 381 str., ISBN: 978-0-231-13962-5.
- SNUSTAD D. P., SIMMONS M.J. (2009): Genetika, Brno, Masarykova univerzita, 871 str., ISBN: 978-80-210-4852-2.

ŠTRUPL J., LERCHE F., ZELENKA J. (1983): Chov koní. Praha: Státní zemědělské nakladatelství, 416 str.

TAUTZ D. (1989): Hypervariable simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers, *Nucleic Acid Research*, 17(16), 6463–6471.

TÓTH G., GÁSPARI Z., JURKA J. (2000): Microsatellites in different eukaryotic genome: Survey and analysis, *Genome Research*, 10, 967-981.

URBAN F. (2001): Základní hlediska managementu genetických zdrojů hospodářských zvířat. (on line), (cit. 3. 1. 20014), dostupné na <http://www.omadeg.cz/vystava/genrezerv.htm>.

VERNON A. (1939): *The History and Romance of the Horse*, 525 str.

VIRTUÁLNÍ SVĚT GENETIKY 3 (2008): Genetika populací a kvantitativních znaků (on line), (cit. 23. 2. 2014) dostupné na <http://user.mendelu.cz/>.

VOLENEC J. (2004): Metodický přístup stanovování a výpočtu podílů původních genů u genetického zdroje plemene starokladrubský kůň, Chrudim, (cit. 15. 2. 2014), dostupné online: <http://www.nhkladruby.cz/archiv-dokumentu>.

VOLENEC J., TEPLÝ V. (2004): Monitoring vývoje populací genetických zdrojů plemen českomoravského belgického koně a slezského norika a plemene norika v ČR v období let 1995 - 2003. Mze ČR, VÚŽV, ASCHK ČR, SCHCHK ČR, SCHČMBK ČR.

VOLF, J. (1996): *Das Urwildpferd: Equus przewalskii*. pp., 4th edition, Heidelberg, Germany: Spektrum Akademischer Verlag, (Die neue Brehm-Bücherei; Bd. 249), 147 str.

WARMUTH V., MANICA A., ERIKSSON A., BARKER G., BOWER M. (2013): Autosomal genetic diversity in non-breed horses from eastern Eurasia provides insights into historical population movements, *Animal Genetics*. 44, 53-61.

WHITTAKER, R. H (1972): Evolution and measurement of species diversity, 21, 213-251.

WILSON O., (1992): *The Diversity of Life*, Harvard University Press, Cambridge, MA, 464 str., ISBN: 0-674-21298-3.

ZIMMERMANN W. (2011): International Przewalski's Horse Studbook (*Equus ferus przewalskii*) Cologne Zoo.

ZOOLOGICKÁ ZAHRADA PRAHA (2013): (on line), (cit. 23. 3. 2014), dostupné na <http://www.zoopraha.cz/>.

Seznam obrázků, grafů a tabulek

1. Obrázek č. 1.: Vývojová řada koně str. 11
www.escapistmagazine.com
2. Obrázek č. 2.: Jeskynní malba koně str. 13
<http://cs.wikipedia.org/wiki/Lascaux>
3. Obrázek č. 3.: Kůň Przewalskii str. 16
<http://www.biolib.cz/cz/image/id196107/>
4. Obrázek č. 4.: Tarpan str. 17
www.tarpanhorse.com
5. Obrázek č. 5.: Tabulka počtu alel (NA), pozorování heterozygotnost (ho), očekávání heterozygotnosti (he), a polymorfisní informaci o obsahu (PIC) ve čtyřech plemenech koní str. 42
KOURKOVÁ L., VRTKOVÁ I., ŠRUBAŘOVÁ P. (2009): Microsatellite DNA analysis of genetic diversity in selected horse population Journal of Agrobiology, 26 (1)
6. Obrázek č. 6.: Tabulka alel identifikované u starokladrubského koně, huculského koně, slezského norika, českomoravského belgického koně str. 43
KOURKOVÁ L., VRTKOVÁ I., ŠRUBAŘOVÁ P. (2009): Microsatellite DNA analysis of genetic diversity in selected horse population Journal of Agrobiology, 26 (1)
7. Obrázek č. 7.: Starokladrubský kůň str. 44
<http://www.aschk.cz>
8. Obrázek č. 8.: Huculský kůň str. 50
www.horses-online.cz

9. Obrázek č. 9.: Českomoravský belgický kůň str. 54
<http://www.equichannel.cz/kone-v-akci-2010?foto=2855>
10. Obrázek č. 10.: Slezský norik str. 55
http://sas.srs-vodnany.cz/srs/vos3_12/krausova/slezsky_norik.html
11. Tabulka č. 1.: Rozmanitost života podle nového odhadu str. 19
MORA C., TITTENSORL D. P., ADL S., SIMPSON A. G. B., WORM B.
(2011): How Many Species Are There on Earth and in the Ocean? PLoS
Biology. August, 9 (8)
12. Tabulka č. 2.:Přehled genetického materiálu, kryobanka Hradištko z roku
2003 str. 39
ROUDNÁ et al. (2004): Genetické zdroje rostlin a živočichů, Praha, MŽP,
ISBN 80-7212-312-2
13. Tabulka č. 3.: Přehled zakladatelů čistokrevných klasických kmenů
starokladrubských koní str. 45
NÁRODNÍ PROGRAM UCHOVÁNÍ A VYUŽÍVÁNÍ GENOVÝCH
ZDROJŮ ZVÍŘAT (2007): (on line), (cit. 28. 3. 2014), dostupné na
<http://www.genetickezdroje.cz>
14. Tabulka č. 4.: Vývoj početních stavů genetického zdroje v národním hřebčíně
str. 45
NÁRODNÍ PROGRAM UCHOVÁNÍ A VYUŽÍVÁNÍ GENOVÝCH
ZDROJŮ ZVÍŘAT (2007): (on line), (cit. 28. 3. 2014), dostupné na
<http://www.genetickezdroje.cz>
15. Tabulka č. 5.: Vývoj početních stavů genetického zdroje v zemském chovu
str. 46
NÁRODNÍ PROGRAM UCHOVÁNÍ A VYUŽÍVÁNÍ GENOVÝCH
ZDROJŮ ZVÍŘAT (2007): (on line), (cit. 28. 3. 2014), dostupné na
<http://www.genetickezdroje.cz>

16. Tabulka č 6.: Vývoj početních stavů populace GZ – Národní hřebčín Kladruby nad Labem str. 48
DYKOVÁ Z., ŠANCOVÁ Z. (2013): Výroční zpráva Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů hospodářských zvířat a dalších živočichů využívaných pro výživu, zemědělství a lesní hospodářství za rok 2012
17. Tabulka č 7.: Vývoj početních stavů populace GZ – soukromý chov str. 48
DYKOVÁ Z., ŠANCOVÁ Z. (2013): Výroční zpráva Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů hospodářských zvířat a dalších živočichů využívaných pro výživu, zemědělství a lesní hospodářství za rok 2012
18. Tabulka č 8.: Struktura populace huculského koně str. 52
NÁRODNÍ PROGRAM UCHOVÁNÍ A VYUŽÍVÁNÍ GENOVÝCH ZDROJŮ ZVÍŘAT (2007): (on line), (cit. 28. 3. 2014), dostupné na <http://www.genetickezdroje.cz>
19. Graf č. 1.: Vývoj stavů koní v České republice v letech 1921–2013 str. 58
ČESKÝ STATISTICKÝ ÚŘAD (2013): Veřejná databáze ČSÚ, (on line), (cit. 30. 3. 2014), dostupné na <http://vdb.czso.cz/vdbvo/uvod.jsp>
20. Graf č 2.: Rozdělení koní v roce 2013 str. 59
ČESKÝ STATISTICKÝ ÚŘAD (2013): Veřejná databáze ČSÚ, (on line), (cit. 30. 3. 2014), dostupné na <http://vdb.czso.cz/vdbvo/uvod.jsp>
21. Graf č 3.: Počet koní pro určité okresy v roce 2013 str. 59
ČESKÝ STATISTICKÝ ÚŘAD (2013): Veřejná databáze ČSÚ, (on line), (cit. 30. 3. 2014), dostupné na <http://vdb.czso.cz/vdbvo/uvod.jsp>