

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
FAKULTA ZEMĚDĚLSKÁ

Katedra: Katedra zootechnických věd

Studijní obor: Zootechnika

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE
Vybrané otázky z genetické diverzity psů

Autor bakalářské práce:

Lucie Chlupatá, DiS.

Vedoucí bakalářské práce:

prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.

České Budějovice
2015

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
Fakulta zemědělská
Akademický rok: 2014/2015

ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE

(PROJEKTU, UMĚLECKÉHO DÍLA, UMĚLECKÉHO VÝKONU)

Jméno a příjmení: **Lucie CHLUPATÁ**
Osobní číslo: **Z11202**
Studijní program: **B4103 Zootechnika**
Studijní obor: **Zootechnika**
Název tématu: **Vybrané otázky genetické diverzity psů**
Zadávací katedra: **Katedra zootechnických věd**

Z á s a d y p r o v y p r a c o v á n í :

Úkolem bakalářské práce je zpracovat literární rešerši, která vyhodnotí současný stav vědeckého poznání v oblasti genetické diverzity psů. Autorka se bude zabývat jak metodickými aspekty posuzování diverzity, tak jejím současným stavem u vybraných plemen psů v ČR. Kromě běžných literárních pramenů použije údaje Českomoravské kynologické unie, chovatelských klubů aj.

Práce bude členěna do kapitol:

- 1) úvod
- 2) literární přehled
- 3) závěr - shrnutí zjištěných výsledků, formulace doporučení pro chovatele

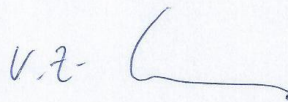
Při zpracování práce budou dodržena obvyklá formální pravidla.

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

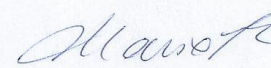
Kania-Gierdziewicz J., Gierdziewicz M., Kalinowska B. (2013): Analysis of founder and ancestor contribution to the Golden and Labrador Retriever populations in the area of Cracow Branch of the Polish Kennel Club. Animal Science Papers and Reports, 31, 45-54.
Schoenebeck, J. J., Ostrander E. A. (2013): The Genetics of Canine Skull Shape Variation. Genetics, 193, 317, DOI: 10.1534/genetics.112.145284.
Hughes A. L. (2013): Accumulation of slightly deleterious mutations in the mitochondrial genome: A hallmark of animal domestication. Gene, 515, 28-33.

Vedoucí bakalářské práce: **prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.**
Katedra zootechnických věd

Datum zadání bakalářské práce: **14. dubna 2015**
Termín odevzdání bakalářské práce: **24. dubna 2015**


prof. Ing. Miloslav Šoch, CSc., dr. h. c.
děkan

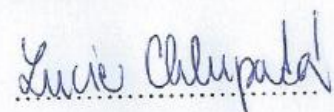
JIHOČESKÁ UNIVERZITA
V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH
ZEMĚDĚLSKÁ FAKULTA
studijní oddělení
Studentská 13
370 05 České Budějovice


doc. Ing. Miroslav Maršálek, CSc.
vedoucí katedry

V Českých Budějovicích dne 14. dubna 2015

Prohlašuji, že svoji bakalářskou práci jsem vypracovala samostatně pouze s použitím pramenů a literatury uvedených v seznamu citované literatury. Prohlašuji, že v souladu s § 47b zákona č. 111/1998 Sb. v platném znění souhlasím se zveřejněním své bakalářské práce, a to v nezkrácené podobě (v úpravě vzniklé vypuštěním vyznačených částí archivovaných Zemědělskou fakultou JU) elektronickou cestou ve veřejně přístupné části databáze STAG provozované Jihočeskou univerzitou v Českých Budějovicích na jejích internetových stránkách.

Datum 21.4.2015



Lucie Chlupatá

Ráda bych vyjádřila poděkování vedoucímu mé bakalářské práce prof. Ing. Jindřichovi Čítkovi, CSc. za odbornou pomoc a cenné rady, které mi při psaní mé bakalářské práce trpělivě poskytoval.

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

ABSTRAKT

Bakalářská práce je zpracována formou rešerše, na téma „Vybrané otázky z genetické diverzity psů“. Cílem této práce bylo zpracování současného stavu vědeckého poznání v oblasti genetické diverzity psů. Nejdříve je v práci popisován původ, domestikace psů, organizace zabývající se chovem psů a vybraná plemena psů. Z genetické stránky jsou popsány základní pojmy v genetice, genetické markery, DNA profil psa a metody hodnocení genetické diverzity. V závěru mé bakalářské práce jsem nastínila možná doporučení pro chovatele psů.

Klíčová slova: původ, domestikace, genetická diverzita, markery, psi

ABSTRACT

The bachelor thesis is worked out in the form of the research on the theme “Selected questions from the genetic diversity of dogs”. The aim of this work was processing of the current situation of scientific knowledge in the field of genetic diversity of dogs. Firstly, the origin is described in the thesis, domestication of dogs, an organisation dealing with dogs breeding and selected breeds of dogs. From the genetic site point of view, the basic terms in genetics are described genetic markers, DNA profile of dog and the methods of evaluation of genetic diversity. In the end of my bachelor thesis I outlined possible recommendations for dog breeders.

Key words: origin, domestication, genetic diversity, markers, dogs

OBSAH

1. ÚVOD	7
2. LITERÁRNÍ PŘEHLED.....	8
2.1. Původ zvířete doprovázejícího lidstvo – psa	8
2.1.1. Původ	8
2.1.2. První krok ke společnému soužití – ochočení	9
2.1.3. Domestikace	9
2.1.4. Život psů po domestikaci v různých částech světa a různém časovém období ..	10
2.1.5. Prvotní typy psů	14
2.1.5.1. Nejstarší rozdělení prvotních typů	14
2.1.5.2. Prvotní rozdělení podle vzhledu psa	15
2.1.6. První kniha plemen a řízené chovy	16
2.2. Organizace zabývající se chovem psů	17
2.2.1. Mezinárodní kynologická federace	17
2.2.2. ČeskoMoravská kynologická Unie	19
2.2.3. Mezinárodní kynologická organizace	20
2.2.4. Českomoravská Kynologická Federace	21
2.3. Genetické vlivy v chovu psů.....	22
2.3.1. Základní genetické pojmy.....	22
2.3.2. Molekulárně-genetické metody v chovu psů	24
2.3.2.1. Genetické markery	24
2.3.2.2. Statistické zpracování dat	27
2.3.2.3. Procesy působící na genetickou strukturu populace	29
2.4. DNA profily u psa	32
2.5. Metody hodnocení genetické diverzity	34
3. ZÁVĚR	43
4. Seznam použité literatury	44
5. Seznam tabulek, grafů a obrázků	49
6. Přílohy	51

1. Úvod

Plemena psů se měnila podle potřeby a přání člověka. Neexistuje žádný jiný druh zvířat, kde by bylo tolik odlišností ve velikosti, zbarvení, osrstění vzhledu, využití, mentalitě, rychlosti a dalších rozdílnostech, jako je tomu právě u psů. A tak dnes máme psy společenské, psy lovecké, pro dostihový sport, pro potřebu policie a armády, pro vyhledávání drog, psy záchranářské, slepecké, ovčácké, pastevecké, psy schopné táhnout břemena, psy asistenční, psy do bytu či venkovního kotce, do tvrdých podmínek severu a jihu a ve východní Asii i psy jedlé. Můžeme říci, že takové variability bylo dosaženo díky cílené genetické selekci.

Touha každého chovatele dosáhnout co nejlepších výsledků neustále vede k zamyšlení nad tím, co a jak udělat, kterým psem nakrýt tu či onu fenu, aby právě potomstvo z jeho chovatelské stanice vynikalo na výstavě či zvítězilo v té nejvyšší soutěži.

2. Literární přehled

2.1. Původ zvířete doprovázejícího lidstvo – psa

2.1.1. Původ

Asi před šedesáti milióny let prodíral se pralesy malý savec, podobný nejspíše lasičce nebo tchoři. Nazýval se *Miacis* a byl prapředkem skupiny zvířat, kterým dnes říkáme psovitě šelmy: psů, šakalů, vlků a lišek. Zhruba před třiceti pěti milióny let se z rodu *Miacis* vytvořily různé pratyipy šelem, příbuzných pozdějším šelmám psovitým. Známe přes čtyřicet typů, z nichž některé jsou podobné medvědům, jiné hyenám a další kočkám. Díky inteligenci, všestranné přizpůsobivosti a schopnosti sociální spolupráce uvnitř smečky se divocí psi rychle rozšířili po celém světě (Taylor, 1992).



Obr. 1 *Miacis* (Pokorná, 2007)

Před 30 – 40 mil. let se z rodu *Miacis* vyvinula psovitá šelma *Cynodictis*, která již trávila většinu času na zemi. Byla to první skutečná psovitá šelma, ze které se vyvinul předek vlků (měl již stejný počet zubů jako vlk), psů a lišek *Tomarctus*. Tento prapředek psa se nejvíce podobal některým dnešním ovčákům (Pokorná, 2007).



Obr. 2 *Cynodictis* a *Tomarctus* (Pokorná, 2007)

Proč ale víme tak málo o původu zvířete nám tolik nám blízkého? Jednou z možných odpovědí je, že psovitých šelem, představujících největší nebezpečí na pomyslném vrcholu potravní pyramidy, je mnohem méně než jejich kořistí. Proto jsou také mnohem méně než býložravci zastoupeny v oblastech bohatých na zkameněliny. Pravěké psovitě šelmy mají také málo spolehlivých rozlišovacích znaků a stanovit příbuzenství mezi nimi je těžší než například mezi šelmami kočkovitými (Rousset-Blanc, 1999).

2.1.2. První krok ke společnému soužití – ochočení

Ochočení se týká jednotlivce. Je to proces, při němž zvíře, zpravidla mladé, z nějakého důvodu opustí své přirozené prostředí a žije pohromadě s člověkem. Ochočené zvíře se vzhledem ani duševně neodlišuje od příslušníků svého druhu (<http://www.cz-pes.cz/literatura-veterina-etologie.php>).

Člověk nejprve musel přesvědčit zvíře, že mu nechce ublížit a že společné soužití bude sloužit oboum stranám. K ochočení a následné domestikaci byl vybrán prapředek psa. Pes jako druh je velice učenlivý tvor, je ochoten bránit svého pána, je společenský a časem se stal nejlepším přítelem člověka. Žít se zvířetem, znamená žít v harmonii s přírodou a jiným živým tvorem než je člověk.

Psi se poprvé objevili před 12–14 tisíci lety v Eurasii. Jde o dobu kamennou, kdy lidé žili v prvobytně pospolné společnosti a živili se lovem. V této době začalo pravděpodobně docházet ke sbližování člověka se psem. O tom vypovídají také archeologické nálezy, podle nichž lze s určitostí potvrdit přítomnost psa v blízkosti lidských příbytků (Pokorná, 2007).

2.1.3. Domestikace

Domestikace je proces týkající se populace. Domestikovaná zvířata v zajetí nejen žijí, ale také se v něm rozmnožují po více generací. Dochází ke změnám v morfologii a fyziologii zvířat, která jsou výsledkem jednak přizpůsobení se umělým podmínkám a také výsledkem zásahů člověka, zejména při výběru rodičovských partnerů. Tyto změny jsou dědičné a upevněné (<http://www.cz-pes.cz/literatura-veterina-etologie.php>).

Jasným důkazem domestikace je nález 12 tisíc let starého paleolitického hrobu na území severního Izraele, kde byly nalezeny kosterní pozůstatky člověka a psa pohřbeného společně. Paže člověka byla otočena kolem krku psa a ruka spočívala na jeho rameni, jako

kdyby i po smrti chtěla zdůraznit sílu vazby, která mezi nimi existovala za života (Galajdová, 1999).

Díky inteligenci, všestranné přizpůsobivosti a schopnosti sociální spolupráce uvnitř smečky se divocí psi rychle rozšířili po celém světě. Dinga mnozí lidé považují za základní typ rodu *Canis*, z kterého se vyvinul současný pes. Dingo byl však domestikován ještě před tím, než ho před tisíci lety první přistěhovalci přivezli do Austrálie. Divocí psi byli pravděpodobně domestikováni v různých částech světa různým způsobem; někteří, když se živili odpadky u lidských sídlišť, jiní, když je primitivní člověk lovil pro svou potravu a bral si do mu vrhy štěňat, aby je vykrmil.

Podle kostí a vykopávek z celého světa, které pocházejí z období asi před 6 500 lety, můžeme rozlišit pět tehdejších typů psů: mastify, psy podobné vlku, chrty, psy typu ohaře a pastevecké psy. Od těch dob se vyvinulo tisíce plemen, ať už umělým, nebo přírodním výběrem. Během staletí mnohá vymizela a jen zhruba čtyři sta jich zůstalo až do dnešních dob (Taylor, 1992).

2.1.4. Život psů po domestikaci v různých částech světa a různém časovém období

Pes, střídavě využívan i uctíván svými pány provází člověka už nejméně deset tisíc let (Rousselet-Blanc, 1999).

Egypt

Egyptané si psů vážili, dokonce založili v Kase v Horním Egyptě nové město zasvěcené Anubovi: Kynopolis - Město psů. Egypťský bůh Anubis, jehož povinností bylo provázet duše zemřelých k jejich poslednímu soudu, byl zobrazován s lidským tělem a tradovalo se, že se psí hlavou (Fogle, 2007). Ve městě byli psi chráněni a uctíváni. Když obyvatelé sousedních měst zhanobili toto město tím, že některého psího obyvatele zabili a snědli, vypukly krvavé bitvy. V domě kde uhynul pes - jak píše řecký historik Hérodot - panoval smutek, obyvatelé si oholili hlavy a drželi půst. Tělo mrtvého psa bylo pečlivě nabalzamováno a za zvláštních pohřebních obřadů uloženo do země na speciálním psím pohřebišti. Taková pohřebiště mívala všechna egyptská města (Galajdová, 1999).

V samotném Egyptě došlo záhy ke zbožštění chrtovitých psů, kteří se objevili již v preddynastickém období a hlídali hrobky králů (Caras, 1999).



Obr. 3 Fotografie sochy psa faraonského z Altes Museum v Berlíně (Chlupatá, 2008)



Obr. 4 Fotografie Sochy boha Anubise z Vatikánského muzea v Římě (Chlupatá, 2010)

Etiopie

Velice krajní případ úcty je znám z dávných dob Etiopie. Náčelníci kmene tam korunovali psího krále, který se pak stal poradcem náčelníka. Při audiencích, pak rozhodovalo chování psího krále. Zavrtěl-li ocasem, byla žádost vyřízena kladně. Štěkání znamenalo nesouhlas a žádost byla zamítnuta. Pokud někomu olízl ruku, byla takovému šťastlivci vzdávána veškerá pocta. Jestliže však na někoho psí král zavrčel, mohl nešťastník přijít také o hlavu (Galajdová, 1999).

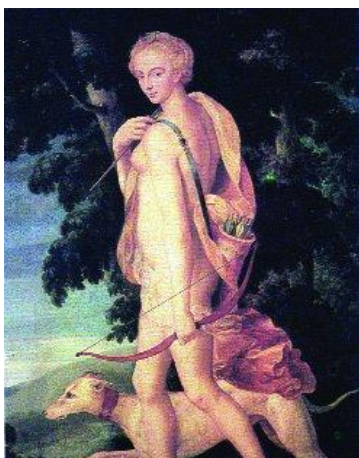
Řecko

V řadě starých řeckých legend měli psi svoje místo. Říkalo se, že Periklův otec Xanthippos vlastnil psa, který plaval po bodu galéry svého pána do města Salaminy, když byli Athéňané nuceni opustit město. Pes byl pohřben vedle pána na místě nazývaném té doby Cynossema, psí hrob.

Řecký básník Homér použil při skládání svých nepřekonatelných eposů postavy z řecké mytologie spolu s historickými událostmi. Skvostné vyličení inteligentního a věrného loveckého psa Argose v okamžiku, kdy jako jediný poznal vracejícího se Odyssea, i citlivý popis psů pasáka vepřů Eumaea dokazuje, že Homér rozuměl psímu chování (Fogle, 2002).

Řím

V Římě vystupovali bojovní psi jako gladiátoři. Utkávali se s býky, medvědy a lvy. Mezi bohatými ženami byl veliký zájem o malého bílého psíka, který může být předchůdcem dnešního bišonka. Tito malí mazlíčci byli stavěni i nad úroveň dětí. Řčení: „Čím více znám lidi, tím více se mi líbí psi“, údajně prohlásil sám Julius Caesar. Lovečtí psi doprovázeli římskou Dianu. I Ovidius se zmiňuje o řadě psů, kteří ho doprovázeli. V Pompejích bylo při vykopávkách pod vrstvou popela nalezeno tělo velkého psa, které přikrývalo dítě, jako by je chtělo ochránit.



Obr. 5 Římská bohyně lovu Diana se svým psím průvodcem (Pokorná, 2007)

Čína a Japonsko

Pes Fu „Lví pes“ stále se vracející téma v čínské kultuře, měl tu symbolickou vlastnost, že přinášel štěstí a dobrý osud (Fogle, 2002). Největším pokladem císařů a císařských rodin a jediným přítelem žen v palácích izolovaného Zakázaného města byl kromě eunuchů „Lví pes“, dnes známý jako pekingský palácový psík. Právo k jeho držení měli pouze příbuzní císaře a některé svatyně. Byl přísně chráněn a střežen, psíci byli hýčkáni na polštářích a kojeni otrokyněmi a každý z nich měl svého osobního strážce, kterému hrozil trest smrti, kdyby se pejskovi něco stalo. V okolí císařského paláce nesměli přebývat žádní jiní psi a lví psi zase nesměli opustit císařské zahrady.

Podle čínských horoskopů patří pes mezi 12 nebeských větví a mezi šest zvířat domácích. Lidé narození v jeho znamení jsou prý oddaní a věrní. Pes byl Číňanům společníkem i pomocníkem při lovu (Galajdová, 1999).

V Japonsku psa uctívali především pro jeho spojení s bohem Omisotem. Je zajímavé, že v Japonsku byli psi pohřbíváni ve stoje, s hlavou nad zemí a několik dnů po smrti před ně lidé chodili pokládat potravu (Pokorná, 2007).

Austrálie

Přímou závislost člověka na psovi můžeme vidět ještě dnes v Austrálii. Australští domorodci žijí dodnes na úrovni doby kamenné. Vybírají štěňata dingů z jejich doupat, vychovávají je společně se svými dětmi, pečují o ně a dokonce jim vybírají blechy z kožichu. Dingo jim za to pomáhá opatřovat potravu a v noci slouží nahým domorodcům jako příkrývka (Galajdová, 1999).

Psi a náboženství

Křesťanská a islámská kultura zdědily svůj postoj ke psům od náboženství, z něhož vyšly. Ovšem tento postoj byl pozměněn folklorem a místní tradicí podle toho, kde se náboženství vyvinula. V Evropě bylo křesťanství ovlivněno lokální a římskou lidovou tradicí.

Islám pohlíží na psy jako na nečisté stvoření (Fogle, 2002). Jediné plemeno, které je vyloučeno z nečistých stvoření, je plemeno saluka, která je považována za dar od Alláha.

STŘEDOVĚK

Postavení psa ve středověku bylo významně ovlivněno náboženstvím. V raném středověku, dokud se ještě mísilo pohanství s křesťanstvím, se chování ke psu naprosto odlišovalo od pozdního středověku, kde byl již patrný vliv katolicizmu. Raný středověk chápe psa jako samozřejmou součást života. S postupujícím a silícím vlivem katolické církve však dochází ke změně náhledu na psa. Snad byl úzký vztah ke psu nebo kočce až příliš jasnou připomínkou pohanství a tak byl pes, stejně jako jiná zvířata, prohlášen za tvora bez duše. Tvory, kteří nebudou přijaty do ráje. Psovi tedy postačují jen zbytky od stolu. Tento přístup stává normou. Později po husitských válkách a Bílé Hoře, v době inkvizice, došly věci dokonce tak daleko, že se pořádaly neblaze proslulé „hony na čarodějnice“. Ke smutným pravdám patří, že jako důvod k obvinění z čarodějnictví sloužilo mnohdy vlastnictví neúčinného psa nebo kočky.

NOVOVĚK

Konec 18. - 19. století a oslabení vlivu církve s sebou přineslo i změnu v náhledu na vlastnictví domácích zvířat. Jejich chov a především cílené šlechtění se stalo výrazem triumfu člověka nad přírodou, kterým se tak chápe role „stvořitele“. Křížením vzniká gejzír nových psích plemen, velkých i malých. Přesto mnoho z minulých postojů přetrvávalo, vlastnictví domácích zvířecích společníků nižší třídou bylo považováno za nepřiměřený luxus.

V armádě Napoleona Bonaparte však již dostává první humánní úkol: jako předzvěst dnešního psa záchranáře vyhledávající na poli raněné vojáky, aby jim mohla být včas poskytnout pomoc.

Po první světové válce se v Německu rozmáhá výcvik psů pro vojáky, kteří přišli v boji o zrak, ve Francii a dalších evropských zemích byli psi poprvé používáni při rehabilitaci válečných zraněných.

Tyto zkušenosti inspirovaly Spojené státy k podobnému zapojení psů do rehabilitace válečných letců v době druhé světové války. USA se pak staly vedoucí autoritou ve výzkumu i praktickém používání terapie pomocí zvířat (Galajdová, 1999).

2.1.5. Prvotní typy psů

2.1.5.1. Nejstarší rozdělení prvotních typů

Ve fosilních nálezech z doby bronzové, asi 4500 let př. kr., je možno rozeznat pět různých typů psů:

- A) Mastif – *Canis familiaris inostranzevi*, tibetští psi typu mastifa byli domestikováni již v době kamenné a později je v bitvách používali Babyloňané, Asyřané, Peršané a Řekové.
- B) Vlkům podobní psi – *Canis familiaris palustris*, tyto vlkům podobní psi připomínají špice, jako např. losí pes, sibiřský husky, keeshond nebo eskymácký pes.
- C) Chrti – *Canis familiaris leineri*, chrti patří k nejstarším typům psa a můžeme je identifikovat z kreseb na mezopotámské keramice z období před 8 000 lety.
- D) Ohaři – *Canis familiaris intermedius*, psi typu ohaře se pravděpodobně vyvinuli z chrtů užívaných pro lov malé zvěře.
- E) Pastevečtí psi – *Canis familiaris matris optima*, pastevečtí psi byli používáni k ochraně stád před šelmami již před tisíci lety. Vznikli pravděpodobně v Evropě.

Z těchto základních typů vznikly výběrovým chovem a přirozenými genetickými mutacemi stovky dnes známých plemen (Taylor, 1992).

2.1.5.2 Prvotní rozdělení podle vzhledu psa

Vzhled psa

Znalost morfologie je velmi užitečná, chceme-li pozorovat jakoukoliv část těla psa nebo spíše porovnávat dvě zvířata. Vzhledem k mimořádné rozmanitosti psích plemen nabývá tato znalost na důležitosti, protože je základem estetických hledisek při hodnocení na výstavách (Galajdová, 1999).

Tři typy psů

Studium vnější morfologie psů umožňuje rozlišit tři velké morfologické typy, do nichž lze zařadit všechna plemena.

Prvním typem jsou psi střední linie; jsou přechodem mezi typy dlouhých a krátkých linií.

Typ střední linie se vyznačuje zřetelným čelním sklonem, linie čela a nosního hřbetu jsou stejně dlouhé a rovnoběžné, tělesné proporce vyvážené. K tomu typu patří většina loveckých psů (ohař, setr atd.), ale také velký počet pasteveckých psů (beauceron, briard aj.)

Typ krátké linie má velmi výrazný čelní sklon, linie nosního hřbetu je kratší než linie čela, má vydutý profil. Tělo je kompaktní a robustní. Do této skupiny patří mnoho plemen velkých psů typu neapolského mastifa, bulmastifa apod., ale i hodně malých společenských plemen (pekinéz, mops, francouzský buldoček aj.)

Typ dlouhé linie se vyznačuje ustupujícím čelním sklonem, linie nosního hřbetu je velmi dlouhá, profil je vypouklý. Tělo se vyznačuje výrazným hrudníkem, nevýrazným břichem a dlouhými, štíhlými končetinami. Patří se všichni chrti a některé kolie a teriéři (Roussel-Blanc, 1999).

2.1.6. První kniha plemen a řízené chovy

Zařazení psa domácího v zoologickém systému:

Třída: savci (*Mammalia*)

Řád: šelmy (*Carnivora*)

Čeleď: psovití (*Canidae*)

Rod: pes (*Canis*)

Druh: pes domácí (*Canis familiaris*)

vlk obecný (*Canis lupus*)

pes dingo (dnes považovaný za samostatný druh)

Plemena psů vznikala dlouho buď přičiněním člověka anebo samovolně. Skutečná plemena s vypracovaným standardem a řízeným chovem vznikala nejprve v Číně a Japonsku, kde byly chovatelské záznamy vedeny po staletí, většinou podle pokynů vládců.

Cílené chovatelství se v evropských zemích začalo rozvíjet až v 17. století. Kolébkou chovatelství se stala především Anglie. V tomto období se objevují malá módní plemena, která získávají stále více na oblibě, tak zvaní pokojoví psíci. V 18. století dochází k rozmachu výcviku služebních psů. Pes se postupně stává nepostradatelným pomocníkem a především přítelem člověka.

Chovatelské organizace se v Evropě vytvářely až v 19. století, kdy začaly vznikat první plemenné standardy. Prvním chovatelským klubem byl britský Kennel Club, který uznával pouhých 189 plemen, převážně britského původu a řadí je do sedmi skupin podle použití (neshoduje se s jinými organizacemi, především FCI) (Pokorná, 2007).

První genealogická kniha plemen

V 19. století zoolog Cuvier navrhl novou klasifikaci plemen.

Většina v současnosti známých plemen byla vyšlechtěna teprve před zhruba sto lety, avšak bylo zapotřebí celých tisíciletí, aby se vyvinul pes, jak jej známe dnes, z divokého druhu, jakým býval (Rousselet-Blanc, 1999).

2.2. Organizace zabývající se chovem psů

Koncem 19. století vznikla celá řada spolků chovatelů psů a ve století minulém došlo i k založení mezinárodních organizací, které zejména zajistily sjednocení chovatelských pravidel a registraci čistokrevných zvířat. Vznikly plemenné knihy, byly uznány standardy plemen psů, došlo k obrovskému nárůstu nejrůznějších výstav a zkoušek psů, jejichž cílem je posouzení čistokrevných jedinců, důležité pro další zušlechťování plemen, případně ke tvorbě plemen nových s jinými, doposud neznámými, charakteristickými znaky a vlastnostmi (Dostál, 2007).

2.2.1. Mezinárodní kynologická federace

Mezinárodní kynologická federace (francouzsky *Fédération Cynologique Internationale*, zkratka *FCI*) je mezinárodní organizace, která se zabývá plemeny psů a kynologií. Má sídlo v Belgii, v městě Thuin (<http://www.fci.be/>).

Historie

Mezinárodní kynologická federace byla založena 22. května 1911, zakládajícími zeměmi bylo Německo, Rakousko-Uhersko, Belgie, Francie a Nizozemí. Federace zanikla během první světové války. V Belgii ji znovu obnovily po roce 1921 organizace Société Centrale Canine de France a Société Royale Saint-Hubert (<http://www.fci.be/history.aspx>).

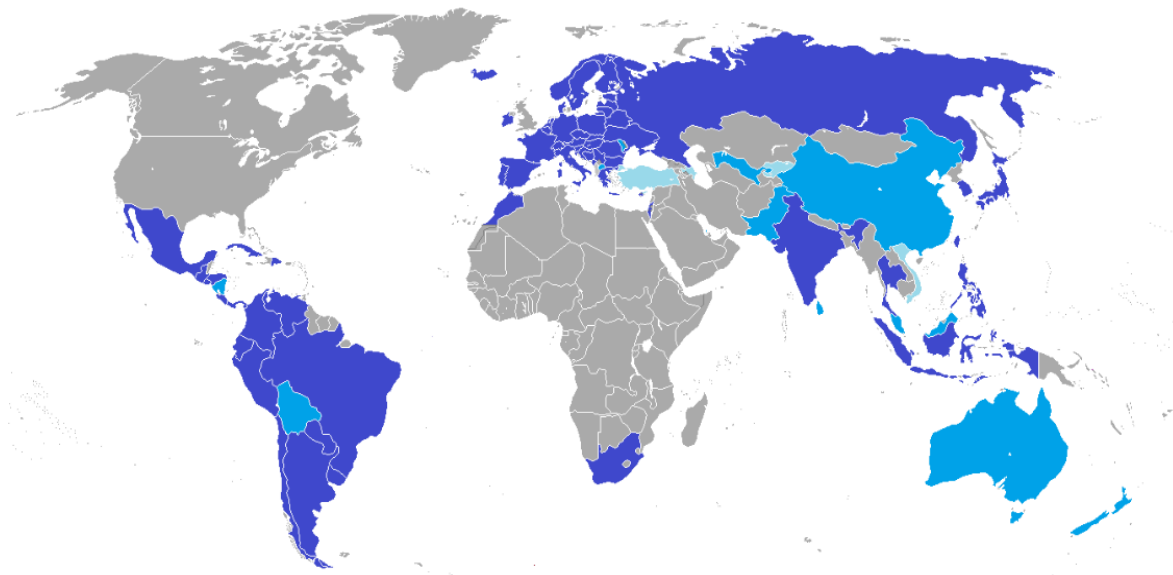
Současnost

Dnes má FCI 89 členských zemí (jeden člen z každé země). Existuje 363 plemen psů, která jsou u FCI evidována. Nad každým jednotlivým plemenem má patronát určitý členský stát, který sepisuje standard plemene. FCI je zodpovědná za překlad a doplňování. Standardy, stejně jako mezinárodní regule jsou k dispozici ve čtyřech jazycích (angličtina, španělština, němčina a francouzština). Posudky plemen jsou založeny na těchto standardech. Tyto normy jsou ve skutečnosti odkaz, o který se posuzovatelé opírají při posuzování na výstavách pořádaných v členských zemích FCI. Každá členská země pořádá mezinárodní výstavy, stejně jako pracovní / lovecké zkoušky a testy, závody. Výsledky jsou zaslány do kanceláře FCI, kde jsou zpracovány. Když byl psovi udělen určitý počet ocenění, má nárok na titul mezinárodní krásy, výstavy nebo pracovní šampion. Tyto tituly jsou potvrzeny FCI. Navíc prostřednictvím

národní kynologické organizace a FCI, může každý chovatel požádat o mezinárodní zápis jména chovatelské stanice. Nakonec FCI udržuje seznam všech posuzovatelů jmenovaných svými jednotlivými členy (<http://www.fci.be/presentation.aspx>).

Mapa členských států

tmavě modrá - řádní členové; modrá - asociovaní členové; světle modrá - přidružené státy



Obr. 6 Mapa členských států

(http://cs.wikipedia.org/wiki/Mezin%C3%A1rodn%C3%AD_kynologick%C3%A1_federace)

Plemena

Všechna plemena psů jsou rozdělena do deseti skupin. Tyto skupiny jsou založeny na různých znacích, jako např. vzhled nebo využití plemene.

1. Plemena ovčácká, pastevecká a honácká
2. Pinčové, knírači, tzv. plemena molossoidní a švýcarští salašníčtí psi
3. Teriéři
4. Jezevčíci
5. Špicové a psi původního typu
6. Honiči a barváři
7. Ohaři
8. Slídiči, retrívři a psi vodní
9. Společenská plemena
10. Chrti

(Císařovský, 2008)

2.2.2. Českomoravská kynologická Unie

Českomoravská kynologická unie (zkratka ČMKU) zastřešuje kynologii v České republice a je řádným členem Mezinárodní kynologické federace (FCI). Sídlem je hlavní město Praha.

Historie

Počátky kynologie v Českých zemích jsou, stejně jako v jiných státech, asi nejvíce spojeny s kynologií loveckou. Historické prameny např. uvádějí, že Karel IV., římský císař a český král, který žil v letech 1316-1378, měl na svém hradě Karlštejně velký psinec, v kterém se místní lovčí staral o cílený chov loveckých psů. V 16. až 19. století byly české země prakticky hlavním loveckým revírem Rakouska-Uherska a tomu musela odpovídat i úroveň zde chovaných psů.

Mezi první v Čechách vzniklé kynologické organizace je řazen Spolek myslivců založený v roce 1848 v Mělníce. Na něj navazoval v roce 1883 založený Ústřední spolek pro ochranu honby a chov loveckých psů. Právě v tomto spolku byla založena naše první plemenná kniha, která nesla název „kniha kmenorodová“. Lovecká plemena měla jasně vyznačeného společného jmenovatele - využití psa při výkonu práva myslivosti. U ostatních plemen byla, vzhledem k různorodému použití psů situace trochu složitější. Přesto v roce 1898 vznikl Zemský spolek chovatelů ušlechtilých psů, který mimo jiné zavedl Zemskou knihu rodokmenů psů a jejich jmenný rejstřík. Tento spolek pořádal v letech 1899 a 1901 v Praze Zemské výstavy, kterých se zúčastnilo něco okolo stovky psů.

Československá kynologická unie označovaná ČSKU, jež vznikla v roce 1929, zastřešovala naši kynologii až do 2. světové války. Po ní neměli jednoduchou situaci psi ani lidé okolo nich. Zhruba od roku 1960 byla kynologie rozdělena do tří spolků na plemena lovecká, pracovní a společenská. Všechny tři organizace měly vlastní chovatelské i výstavní předpisy a spojovalo je pouze prostřednictvím Federálního výboru mysliveckých svazů zprostředkované zastřešení v FCI, Mezinárodní výstava psů v Brně a Svazem chovatelů vedený rejstřík chráněných názvů chovatelských stanic. V roce 1966 se konal v Praze kongres FCI. Ve stejné době byl prezidentem FCI český kynolog, pan Ing. Růžička.

V prosinci roku 1992, těsně před rozdělením Československa, vznikla Českomoravská kynologická unie (ČMKU), která zastřešuje českou kynologii do současné doby. V roce 1993 jsme s rozdělením Československa na dva státy přišli o řádné členství v FCI a stali se členem asociovaným. Řádné členství získala Česká republika opět v roce 1997. Stejně jako v řadě

dalších států i v České republice je na programu otázka vztahu mezi člověkem a psem. V této oblasti si ČMKU vybuďovala postavení partnera, s kterým se počítá a který má určitou možnost vyjadřovat své názory např. v otázkách legislativy.

Velkou tradici má v České republice hodnocení exteriéru. Výstavy odpovídající do určité míry dnešním představám se zde pořádaly již na přelomu 19. a 20. století. Chovatelé a majitelé psů je vyhledávali hned z několika důvodů. Mezi ty nejdůležitější patřil zájem vyplývající z cíleného chovu, chovatelé také chtěli krásu svých psů ukázat odborné i neodborné veřejnosti (Tichá, <http://www.cmku.cz/index2.php?stranka=historie>). Mezinárodní výstavy v současné době hostí moravská metropole Brno, stejně na tom jsou i České Budějovice a Praha. Stranou nezůstávají ani další města. Velmi oblíbené jsou i mezinárodní výstavy pořádané v Litoměřicích a Mladé Boleslavi. Čeští vystavovatelé se pravidelně zúčastňují řady výstav v zahraničí.

2.2.3 Mezinárodní kynologická organizace

Mezinárodní kynologická organizace (německy *Der United Kennel Clubs International e.V.*, zkratka *UCI*) je zastřešující mezinárodní organizace, která sdružuje národní kynologické svazy členských států za účelem spolupráce, speciální kynologické činnosti a chovatelství psů.

Historie

Mezinárodní kynologická organizace byla založena 23. října 1976 v Wiesbadenu (Německo) a byla zapsána do obchodního rejstříku přidružení na krajský soud. Oficiálním jazykem asociace je němčina.

Účel

Účelem organizace je sloužit různým národním společnostem jako mezinárodní zastřešovací organizace. UCI se zavazuje, že bude hájit zájmy všech společností (federálních členů) rovnocenným způsobem. Asociace navíc usiluje o zlepšení v chovu různých psích plemen. Hlavním účelem je dohlížet nad národními a mezinárodními výstavami a podpora a informování svých členů (<http://www.u-c-i.de/satzung.shtml>).

Uznávání nových plemen

Pro zařazení do klasifikace nových plemen psů je nutné podání žádosti příslušným národním kynologickým svazem členského státu UCI. Vybraný mezinárodní rozhodčí, zpravidla předseda chovatelské komise UCI, následně posuzuje předvedené zvíře a podává předsednictvu organizace návrh na mezinárodní uznání za oficiální plemeno.

Tím může vzniknout u konkrétního psa ambivalentní stav, pokud je za plemeno uznán jen jednou ze dvou kynologických organizací UCI nebo FCI. Takovým příkladem je pražský krysařík, který má zakázáno účastnit se výstav pořádaných organizací FCI.

Členské země

Za dobu svého trvání se stali členy této organizace tyto státy: Německo, Belgie, Švýcarsko, Dánsko, Kanada, Spojené státy americké, Česká republika, Slovenská republika, Maďarsko, Ukrajina, Rusko, Moldávie, Kazachstán, Litva, Lotyšsko, Chorvatsko, Polsko, Uzbekistán (<http://www.u-c-i.de/mitglieder.shtml>).

Plemena

Plemena psů jsou rozdělena do skupin, které jsou definovány rozdílnými znaky (vzhledem, využitím plemene atd.)

- Honiči
- Plemena lovecká
- Teriéři
- Plemena užitková
- Plemena pracovní
- Plemena společenská

2.2.4 Českomoravská Kynologická Federace

Zastřešující organizací UCI pro Českou republiku je Českomoravská kynologická federace (zkratka *ČKF*) se sídlem v Rokycanech a Dražovicích, registrovaná v roce 1995.

Všechna tato plemena jsou mezinárodně uznaná UCI, hlavním prezidiem. (<http://mujweb.cz/uci.cz/index.htm>)

2.3. Genetické vlivy v chovu psů

2.3.1 Základní genetické pojmy

Genetika je nauka o dědičnosti a proměnlivosti znaků. Znakem se v genetice označují vlastnosti organismů nebo buněk. Rozdělujeme je na znaky morfologické (tvar a rozměry těla i jeho jednotlivých orgánů), funkční (vykonávání určitých životních funkcí) a psychické (temperament, inteligence, nadání). Východiskem kteréhokoliv znaku je určitá biochemická reakce, která je podmíněna specifickým enzymem (Ernst, 2008).

Každý živý organismus se skládá z buněk. Při nepřímém dělení buňky se karyoplazma (obsah buněčného jádra) organizuje zvláštním způsobem do útvarů, kterým říkáme chromozomy (Dostál, 2007). Počet chromozomů je pro jednotlivé druhy organismů charakteristický a poměrně konstantní, stejně jako jejich tvar, velikost a struktura. Tento celkový počet chromozomů se nazývá karyotyp. Karyotyp psa tvoří 39 párů chromozomů, resp. 78 chromozomů (Dostál, 1995). Toto značíme symbolem $2n$ a hovoříme o diploidním počtu chromozomů. Když takový jedinec začne tvořit své pohlavní buňky – gamety (vajíčka nebo spermie), ty pak mají jen po jednom chromozomu z každého chromozomového páru, tedy jen 39 chromozomů celkem. To značíme symbolem n a hovoříme o haploidním počtu chromozomů (Dostál, 2007).

Znaky se nepřenášejí z rodičů na potomky jako takové, ale přenášejí jen vlohy, dědičné předpoklady, informace pro jejich vytvoření. Jednotkou genetické informace je tedy gen (vloha), který je materiálním nosičem znaku. Znaky rozdělujeme na kvalitativní, které podstatně neovlivňují prostředí, jsou určeny geny velkého účinku a dědičné bývají většinou určeny jedním genem (např. zbarvení, krevní skupina). Kvantitativní, které jsou ovlivněny prostředím, je možné je měřit, vyjadřovat je ve vhodných jednotkách a jsou podmíněny skupinou genů – geny malého účinku (např. tělesné rozměry). Geny pak určují znaky v jejich konkrétních kvalitách a kvantitách, proto každý gen existuje ve dvou až mnoha konkrétních podobách, jež se nazývají alely. Alela je tedy alternativní variantou určitého genu a nachází se u všech jedinců stejného druhu na stejném místě v genomu, což je soubor genů. Soubor všech genů o konkrétních alelách se označuje jako genotyp. Genotyp souhrnně určuje rozsah fenotypových možností jedince a jeho konkrétní fenotyp pak na jeho základě modeluje svými vlivy prostředí, ve kterém se vyvíjí a žije. Fenotyp jedince je tedy určen projevem genotypu, na

který působí prostředí. Soubor všech alel a genů v populaci pak nazýváme genofond (Ernst, 2008).

Genetická variabilita populace je dána počtem polymorfních genů a počtem alel každého polymorfního genu (Ernst, 2008). A zde jsme u prvního obrovského zdroje genetické variability (proměnlivosti). Je věcí náhody, který ze dvou chromozomů psa či feny se dostane, do té či oné pohlavní buňky. Zdali ten chromozom, který byl získán od matky, či ten, který jedinec získal od svého otce. Tak se potomek, který z pohlavní buňky vznikne, podobá spíše dědečkovi, nebo spíše babičce a podobně. A protože pes domácí, jako druh má 39 párů chromozomů, můžeme dostat teoreticky 2^{39} možných kombinací vazbových skupin genů (genů, které jsou v jednom chromozomu), což je zhruba 550 miliard kombinací. Ve skutečnosti je genetická variabilita ještě větší, protože do uvedené hodnoty jsme nezapočítali podíl mutací, ani výměny genetického materiálu mezi dvěma párovými chromozomy během reprodukčního dělení crossing-overem (Dostál, 2007).

Polymorfismus genu pak umožňuje, že se v populaci vyskytují jedinci heterozygotní, tzn., že od každého z rodičů obdrželi jinou alelu tohoto genu. Dále pak jedinci homozygotní, kteří získali od každého z rodičů shodnou alelu (Ernst, 2008). Vztah mezi alelami může být různý. Je-li jedna alela nadřazena nad alelou jinou, mluvíme o alele dominantní. V případě té podřízené, skryté, neprojevené, mluvíme o alele recesivní. Je-li vliv obou alel stejný, rovnocenný, jde o vztah kodominance (Dostál, 2007).

Jedinci mohou nést pouze dvě různé alely daného genu. Skupina jedinců může být nosičem velkého počtu různých alel, které jsou zdrojem genetické diverzity (polymorfizmu, genetické variability). Diverzita v populaci (biodiverzita) může být hodnocena pomocí Hardyho-Weinbergova zákona. Mutace, selekce, migrace, drift a další faktory mohou měnit velikost genetické variance v populaci (evoluce a šlechtění).

Velikost populace a způsob výběru a párování diploidních organizmů při pohlavním rozmnožování má vliv na genetickou strukturu populace a její změny.

Rozlišují se:

- autogamie (samooplození) - vyskytuje se zejména u hermafroditů a v určitém smyslu se uplatňuje i při příbuzenském páření (inbriding); dochází ke snižování polymorfizmu, heterogenity
- alogamie (outbriding) - páření jedinců jedné populace s jedinci jiné populace, čímž se zvyšuje heterogenita
- panmixie (náhodné páření) - každý jedinec má stejnou pravděpodobnost, že zplodí potomka s libovolným jedincem opačného pohlaví (Urban, 2008).

2.3.2 Molekulárně-genetické metody v chovu psů

Molekulární genetika v chovu umožňuje monitorovat genotypy jednotlivých geograficky oddělených populací, na jejichž základě mohou být cíleně sestavovány chovné skupiny. Tímto způsobem můžeme pozitivně ovlivnit inbreeding (příbuzenskou plemenitbu) a snížit rizika s tím spojená (např. natalita, morfologické anomálie aj.). Lze tedy udržovat, kontrolovat a působit na genetickou variabilitu a diverzitu (Ernst, 2008).

Populace jsou dynamické, mohou růst, expandovat nebo se zmenšovat a může se zúžit změnami poměrů narozených/zaniklých, migracemi či spojením s jinými populacemi. Tyto změny jsou důležité, neboť v dlouhých časových údobích mohou vést ke změnám v genetické struktuře populace a tedy k evolučnímu vývoji (Urban, 2008).

2.3.2.1 Genetické markery

Genetický marker je vysoce polymorfní znak, který vykazuje mendelistickou kodominancí dědičnost, je snadno a jednoznačně detekovatelný (Knoll *et al.*, 2002). Markerem rozumíme jakýkoliv polymorfní mendelovský dědičný znak, např. definovaný segment DNA, protein nebo fenotyp (Kohoutová *et al.*, 2012). Genetické markery jsou základními pomůckami používané ke studiu genetické variability v a mezi populacemi. Markery umožňují určovat, které alely jsou přítomné v populaci.

Jejich využití lze charakterizovat v:

- studování rozmnožovacích systémů (určit stupeň inbrídingu v populaci),
- měření toku genů a strukturu populace (určit stupeň migrace mezi populacemi),
- určení paternity k měření dědičnosti a fitness,
- tvorba genetických map k hledání genů determinujících kvantitativní vlastnosti (např. kolik lokusů podmiňuje velikost těla, a podobně),
- uplatnění v konzervační genetice, ekologické a evoluční genetice, nebo
- ve šlechtění (Urban, 2008).

Prvním využitým polymorfismem DNA byl polymorfismus v délce restričních fragmentů (RFLP), následoval VNTR polymorfismus (minisatelity) a polymorfismus v krátkých tandemových repetičích (STRP – Short Tandem Repeat Polymorphism, mikrosatelity). Vzrostli také požadavky na vlastnosti markerů: kodominancí dědičnost (lze odlišit homozygoty od heterozygotů), početnost a variabilita. Markery RFLP, STRP a SNP tato kritéria více či

méně splňují. Vysoký stupeň polymorfismu je žádoucí, protože pak je většina rodičů v heterozygotním stavu a je možné určit vazebnou fázi (Kohoutová *et al.*, 2012).

Molekulární markery

Molekulární markery jsou nejmodernějším typem markerů, které jsou založeny na detekci pomocí elektroforézy, v které makromolekuly (proteiny, DNA, RNA) jsou oddělovány na gelu v elektrickém poli.

Prvními molekulárními markery byly proteiny, obvykle to byly enzymy, kterým se také říká allozymy nebo isoenzymy. Pomocí elektroforézy bílkovin byl odhalován polymorfismus mléčných bílkovin (kaseiny, albuminy, ...), bílkovin krevního séra apod.

Bylo důležité, aby mezi alelami byl vztah kodominance, aby mohl být rozeznán heterozygotní genotyp. Největší nevýhodou proteinových markerů je, že odhalují jen malou část skutečné variability v DNA sekvencích mezi jedinci, protože:

- proteiny jsou produkty genů a variabilita v proteinech neodhaluje variabilitu v nekódujících sekvencích genomu,
- pro velký počet proteinů (hlavně strukturní proteiny), nelze dobře odhalovat minimální rozdíly v rodině proteinů - jednotlivé frakce na gelu nelze zase tak vizuálně oddělit,
- celá řada záměn v aminokyselinovém řetězci není na základě velikosti elektrického náboje odhalit mobilitou na gelu (velikost náboje pro podobné proteiny může být stejný, i když se geneticky liší),
- mnoho změn v sekvenci DNA v kódujících oblastech nezapříčiní záměnu aminokyseliny v sekvenci proteinu.

DNA markery

První metody pro odhalování variability v DNA sekvenci se objevily v sedmdesátých letech minulého století - jednalo se o štěpení řetězce DNA na malé části specifickými enzymy a tyto kousky DNA se separovaly na gelu a vizualizovaly radioaktivním značením a později fluorescenčními značkami. Tato technika se nazývá polymorfismus délky restrikčních fragmentů (*Restriction Fragment Length Polymorphism*, zkratka RFLP). RFLP markery jsou kodominantní, takže lze odhalovat heterozygotní genotypy. Protože některé SNP polymorfismy mají za následek změnu restrikčního místa ve smyslu ztráty nebo naopak vzniku nového restrikčního místa. V důsledku toho dochází ke změně délky restrikčního fragmentu (Kohoutová *et al.*, 2012). Ve spojení s polymerázovou řetězovou reakcí (PCR), která dokáže namnožit

na milióny kopií specifický úsek DNA, došlo k revoluci v celé molekulární genetice. Vznikla tak široce používaná metodika PCR-RFLP pro odhalování bodových mutací v DNA. Novější technikou je variabilní počet tandemových opakování (*Variable Number of Tandem Repeat polymorphism*, zkratka VNTR), která identifikuje minisatelity a mikrosatelity. Tato metoda odhaluje opakující se kopie sekvencí např. (AC)₁₀, které jsou velmi vysoce polymorfní (desítky alel) a jsou vhodné pro sledování variability uvnitř a mezi populacemi (Kohoutová *et al.*, 2012).

Mikrosatelity

Tandemové repetitivní sekvence (STR). Tyto sekvence, také nazývané mikrosatelity, jsou třídou genetických markerů, sestávajících se z tandemově opakovaných sekvencí o velikosti dvou až sedmi párů bází. Alely STR lokusu se mění podle počtu opakování daného sekvencního motivu. Kvůli vysoké hladině polymorfizmu (informativity) a Mendelovské dědičnosti se mikrosatelity staly vhodnými genetickými markery pro studium diverzity, testování paternity a vlastní identifikace.

STR alely jsou zjišťovány pomocí multiplexové polymerázové řetězové reakce (PCR-polymerase chain reaction). Jeden z primerů každého páru je na 5' konci označen fluorescenčním barvivem. Fragmenty jsou rozděleny a detekovány v jediném elektroforetickém stříku, s použitím automatizovaného elektroforetického přístroje.

Z hlediska testování profilů u psů jsou možné dva hlavní přístupy:

- markery dle ISAG - International Society of Animal Genetics
- markery dle AKC - American Kennel Club

Tyto dva přístupy se zcela liší ve stanovovaných markerech a jejich výsledky nejsou vzájemně kompatibilní. Například pokud bude mít jeden z rodičů genetický profil podle AKC a potomek podle ISAG, nebude možné porovnáním výsledku stanovit parentitu. Naopak, pokud budou mít oba stanovený profil podle stejného principu, bude možné určit parentitu jen porovnáním výsledků bez nutnosti další analýzy.

Přístup ISAG je v Evropě více zavedený, je doporučovaný FCI, stanovuje více markerů než AKC. Přístup AKC je prosazovaný v Americe. (<http://www.genomia.cz/cz/test/dog-dna-profile/>)

Další novější metodou je určování jednonukleotidových polymorfizmů (*Single Nucleotide Polymorphism*, zkratka SNP), které mají sice méně alel než mikrosatelity, ale jsou rovnoměrně rozmístěny po celém genomu (Urban, 2008). Mohou ležet uvnitř kódujících ge-

nů, ale častěji v nekódujících intronech nebo intergenových oblastech. Vyskytují se v genomu přibližně každých 500-1000 bp (*base pairs*, párů bází) (Knoll *et al.*, 2002).

2.3.2.2 Statistické zpracování dat

Získaná molekulární data sama o sobě na otázky neodpovědí. Je potřeba je analyzovat vhodnými matematickými metodami.

Polymorfismus

Polymorfismus udává podíl polymorfních lokusů v populaci. Pro některé účely je polymorfismus dostačující mírou genetické variability v populacích, ale má určité nedostatky. Jeden z těchto nedostatků vyplývá z toho, že četnost alel se pohybuje v širokém rozmezí, od vysokých hodnot až po velmi vzácné alely s nízkou četností.

Polymorfismus tedy není přesnou mírou genetické variability také z toho důvodu, že hodnotí lokusy s velmi malou četností alel, kromě jedné alely, jako rovnocenné s těmi polymorfními lokusy, u kterých četnost několika alel mají podobné hodnoty (Relichová, 2009).

Heterozygotnost

Měřítkem vnitropopulační genetické diverzity je heterozygotnost, která do určité míry vypovídá o stavu inbreedingu populace. Heterozygotnost lze definovat pro jednotlivé lokusy, pro dané jedince nebo i pro celou populaci (Košťuková, 2009). Na rozdíl od polymorfismu nezahrnuje v sobě tato míra elementů volnosti a nepřesnosti. Při odhadu heterozygotnosti populace se nejdříve stanoví četnost jedinců heterozygotních v každém lokusu a potom se vypočítá průměr pro všechny lokusy (Relichová, 2009).

Heterozygotnost *i*-tého lokusu v dané populaci je podíl jedinců nesoucích různé alely v homologních chromozomech k celkovému počtu jedinců v populaci.

Odhad heterozygotnosti *i*-tého lokusu lze napsat jako $h_i = n_{hi} / n$ kde *n* je počet náhodně vybraných jedinců z dané populace a n_{hi} je počet jedinců z celkového počtu *n*, kteří jsou heterozygotní na *i*-tém lokusu (Košťuková, 2009).

Obecně lze konstatovat, že čím je její hodnota vyšší, tím je populace životaschopnější, neboť disponuje větším počtem alel, tedy vyšší variabilitou možných genotypů. (Ernst, 2008)

Její spolehlivost vyplývá z toho, že je mírou pravděpodobnosti, že dvě alely daného lokusu náhodně vybrané z genofondu populace se projeví jako rozdílné. To však platí pouze pro populace s náhodným oplozením. Také v populacích s určitým podílem příbuzenského křížení

bude podíl homozygotů větší než v populaci s náhodným oplozením, při stejných četnostech alel v obou populacích (Relichová, 2009).

Genetická distance

Zjišťování genetické vzdálenosti usnadňuje a zjednodušuje vzájemné srovnání populací. Genetická distance je tedy vlastně číselné vyjádření rozdílu mezi genofondy populací. Pomocí genetické vzdálenosti mezi jedinci analyzovanými pomocí kodominancích markerů se běžně určuje např. pomocí párové genetické vzdálenosti Nei's chord distance (Nei *et al.*, 1983) vycházející z frekvence sdílených alel. Matice párových genetických vzdáleností slouží jako základní datový soubor pro další analýzy. K popisu rozdělení genetické variability v rámci populací a mezi populacemi a oblastmi se jako nejvhodnější jeví analýza molekulární variace (AMOVA) a F-statistika (Excoffier *et al.*, 1992). AMOVA a F-statistika říká, jak moc jsou jednotlivé populace izolované, jaká je mezi nimi komunikace a jestli nejsou v nějaké populaci fixované nějaké alely nebo naopak jsou všechny alely všude.

Zjištěné genetické vzdálenosti můžeme seřadit podle velikosti a vyhodnotit. Jsou ale spíše používány ke konstrukcím dendrogramů, které nám pomohou názorně vyjádřit grafický vztah mezi plemeny.

Dendrogram

Dendrogram je grafickým znázorněním vazeb mezi jednotlivými plemeny a vzdáleností mezi tzv. clustery a mezi clustery a plemeny. Clustery jsou fiktivní skupiny vyjadřující hypotetickou fylogenetickou populaci, ze které se mohla jednotlivá plemena vyvinout (Svobodová *et al.*, 2005). Dendrogram je vlastně jeden z aditivních stromů, kdy koncové uzly představují recentní druhy ve stejné rovině, stejně vzdálené od předka. Popisuje nám průběh evolučních změn v čase, z polohy uzlů lze odečíst, kdy došlo ke štěpení jednotlivých evolučních linií.

2.3.2.3 Procesy působící na genetickou strukturu populace

Mnoho evolučních změn vzniká velmi pomalu. Změny genotypů trvají mnohem déle než lidský život. Důsledkem toho je těžké porozumět evolučním procesům (Gillespie, 2010). Čtyři různé procesy působí na genetickou strukturu populace - selekce, mutace, migrace, genetický drift a inbríding.

Selekce

Selekce je jedním z kroků, které využívají zcela obecné proměnlivosti jedinců uvnitř populace (Jakubec *et al.*, 2010).

Podstatou selekce je, že se na tvorbě nové generace podílí jen vybraná část rodičů (určité genotypy s žádoucím fenotypovým projevem - vyšší životnost, plodnost, adaptace, užitkovost), aby se rychleji rozmnožily žádoucí geny a nevýhodné geny byly eliminovány. Děje-li se tak působením přírodních faktorů, jedná se o přírodní selekci. Rozhoduje-li o výběru rodičů člověk, jedná se o selekci umělou. Lze rozlišit selekci *pozitivní* (zařazování rozmnožujících se jedinců) a *negativní* (vyřazování jedinců). Přírodní selekce působí ve všech ontogenetických fázích vývoje jedince. Člověk však při šlechtění zvířat selektuje hlavně dospělé jedince (Urban, 2008).

Selekce tak zvyšuje nebo snižuje frekvenci alel. Výhodné alely v populaci přetrvávají, negativní postupně vymizí (dominantní mizí docela rychle, recesivní mizí pomalu a úplně nevymizí téměř nikdy). Různé varianty alel mohou ovlivnit celou populaci. Mohou být prospěšné, škodlivé nebo neutrální, které populaci neškodí, ale ani jí nejsou nijak prospěšné. Zda je alela, prospěšná, škodlivá nebo neutrální, závisí na podmínkách prostředí (např. přítomnost patogenů), velikosti populace nebo na genetickém pozadí („genetic background“). Alela, která je prospěšná v jedné populaci, se může jevit jako neutrální nebo škodlivá v jiné populaci, a proto její význam pro danou populaci se musí hodnotit ve vztahu k podmínkám prostředí (Hedrick, 2001)

Mutace

Mutace jsou významné, protože jsou hlavním zdrojem veškeré genetické variability (Urban, 2008). Mutace jsou změny v genotypu organismu oproti normálu. Velká většina mutací je naprosto náhodných. Mutací původního genu dojde ke vzniku kvalitativně odlišné části DNA, která je vlastně jinou alelou, mutací vzniklou alelou z původního genu (Dostál, 2007).

Důsledkem mutace může být vznik nových alel. Mutace může ovlivnit genetickou odlišnost mezi populacemi. V případě, že mutační rychlost je hodně příbuzná migrační rychlosti, tak by mohl nastat problém v interpretování vzájemného odlišování. Co se týče genetických markerů, jako mikrosatelitů a mitochondriální DNA, může být rychlost mutace vyšší než rychlost migrace (Slatkin, 1995).

Během domestikace psa došlo k velkému množství mutací. Některé mutace vznikly u chovatelů, kteří si jich všimli, a vyšlechtili nový rás nebo nové plemeno (Dostál, 2007).

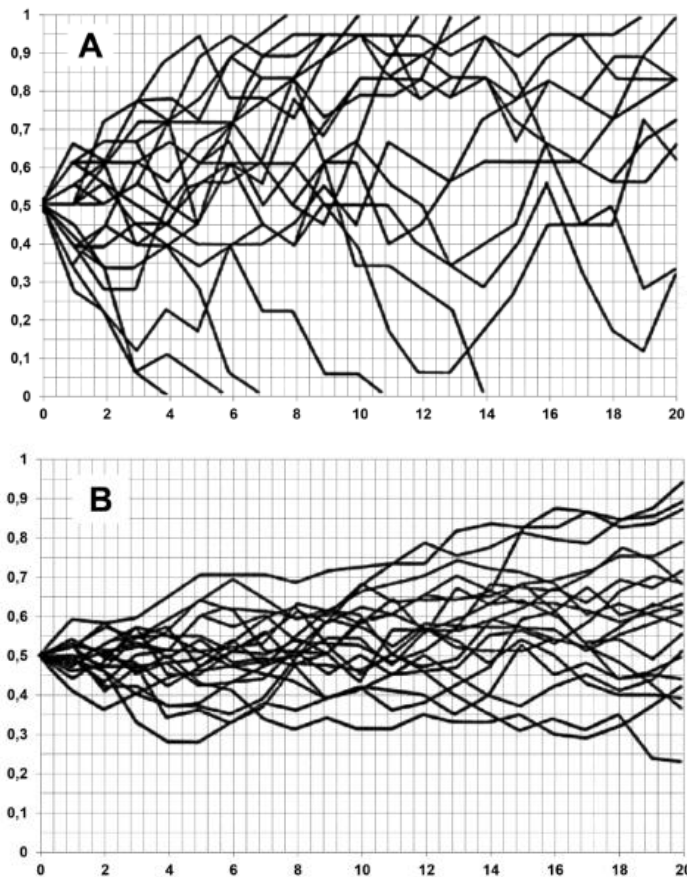
Migrace

Tok genů je výměna genů mezi populacemi, většinou stejného druhu (Morjan *et al.*, 2004). Výměna genů je zprostředkovávána migrací. Migrace dovnitř a ven z populace může změnit frekvenci alel, tak jako genetickou variabilitu populace (Su *et al.*, 2003). Oba termíny se však mohou zaměňovat, protože jedinci jsou nositelé genů. Pokud se však imigrant nerozmnoží a nepředá své alely v nové populaci (tedy se nerozmnožil), pak se děje migrace bez toku genů. Oba směry, imigrace nebo emigrace, je způsob ovlivnění genetické struktury populací, které provádí člověk zejména při šlechtění zvířat (nákup a prodej chovných zvířat) (Urban, 2008).

Genetický drift

Genetický drift je evoluční proces, při němž dochází z generace na generaci k náhodným změnám ve frekvenci jednotlivých alel v populaci (Allendorf *et al.*, 2007).

V populaci tedy existují dva typy gamet, které tvoří gametickou urnu: gamety s alelou A, která má relativní četnost p a gamety s alelou a, která má relativní četnost q → v každé generaci platí $p + q = 1$. V malých populacích v důsledku malého počtu jedinců, dochází k náhodnému kolísání genových frekvencí u jednotlivých generací, tento děj označujeme jako náhodný genetický posun nebo genetický drift. Probíhá-li genetický drift ve velmi malé populaci, po určité době může dojít k fixaci jedné z alel a populace je pak tvořena pouze homozygoty jednoho typu. Druhá alela se v populaci přestane vyskytovat. Která z alel bude „fixována“, je opět náhodný jev (Otová *et al.*, 2012).



Obr. 7 Průměrná doba fixace závisí na velikosti populace a původních alelových frekvencích. Původní frekvence alel jsou pro oba grafy $p_A = q_a = 0,5$, avšak graf A popisuje vývoj alelových frekvencí (zahrnující i fixaci alel) v populaci 18 jedinců, graf B pro populaci o 100 jedincích. Osa X – počet generací, osa Y – alelická frekvence p_A (Panczak *et al.*, 2013).

Inbríding

Inbríding je připařování jedinců, kteří mají navzájem příbuzných předků. Stupeň příbuznosti mezi jedinci v populaci je závislý na velikosti populace a na počtu možných generací předků. Nevyhnutelné páření příbuzných zvířat v uzavřené populaci vede ke kumulování inbrídingu a úbytku genetické diverzity (Falconer, 1961).

Čím je frekvence příbuzenského křížení v populaci větší, tím nastává větší změna genetické struktury v populaci. Genetickým následkem zvýšené frekvence příbuzenského křížení v populaci je změna jen genotypových (ne genových) frekvencí, v průběhu generací se zvyšuje frekvence homozygotů v populaci (Poráčová *et al.*, 2006).

2. 4. DNA profily u psa

Stejně jako u lidí, i u zvířat máme k dispozici testy identity a rodičovství, využívající analýzy mikrosatelitů. Vyvinutím této molekulární genetické metody byla poskytnuta veterinářům i chovatelům pomůcka pro bezpečnou identifikaci cenných plemenných zvířat. Prakticky vzato je vytvořen unikátní a nezaměnitelný DNA profil zvířete, který zůstává konstantní během celého života zvířete i po jeho smrti.

Na jedné straně tento test slouží jako bezpečná identifikace a na druhé straně může objasnit, zda otec nebo matka daných štěňat, ustanovení v dokumentaci, jsou skutečnými rodiči.

DNA profil je založen na testování vysoce polymorfních markerů, mikrosatelitů. Běžně testujeme minimálně 10 mikrosatelitů. Pro dosažení nejvyšší možné spolehlivosti testu je testováno až 12 DNA markerů (mikrosatelitů) u jedince. K tomuto účelem je izolována DNA z buněk běžně ze vzorku krve smíchané s EDTA. Pomocí polymerázové řetězové reakce (PCR) jsou markery namnoženy v milionech kopií. Poté je délka markerů determinována přístrojem nazývaném „genetický analyzátor“. Kombinace výsledných délek markerů nám poskytne individuální DNA profil.

DNA profil je typický s přesností více než 99,9 %. Pro identifikaci zvířat je jeho DNA profil vytvořen a archivován v DNA databázi. Ve srovnání s ostatními metodami označování zvířat jako jsou mikročipy nebo tetování, není možno u DNA profilů s údaji manipulovat. DNA profil může být velmi užitečný. Například pokud se zvíře ztratí, může majitel získat registrovaný DNA profil a srovnat identitu s navraceným zvířetem, aby si mohl být zcela jistý, že je to jeho zvíře.

Smyslem testování rodičovství je objasnit, zda udání rodiče daných zvířat jsou opravdu praví biologičtí rodiče. V podstatě platí, že potomci dostanou 50 % jejich zděděných informací od matky a 50 % od otce. Za předpokladu, že je matka potvrzená, měly by být všechny nematernální markery v DNA profilu potomků zděděny od otce. Pokud alespoň jeden marker v DNA profilu nesouhlasí, může být otcovství vyloučeno. Čím více vysoce polymorfních markerů je vyšetřováno, tím přesněji může být rodičovství potvrzeno. Vyšetřováním minimálně 10 markerů je vytvořen mimořádně přesný test (http://www.laboklin.de/pages/html/cz/Genetic/dna_profily_cz.htm).

Pro genetická vyšetření (viz Žádanka na vyšetření Genetika psů v příloze) se používá:

- plná krev
- stěr z bukální sliznice

Odběr krve

Na odběr krve je nejvhodnější použít zkumavku s fialovým uzávěrem pro nesrážlivou krev, která obsahuje EDTA. Krev odebereme v množství nejméně 0,5-1 ml a po odběru zkumavku několikrát otočíme, aby se dobře promíchala krev s antikoagulantem. Poté zkumavku označíme nezaměnitelnými identifikačními údaji o zvířeti. Krev je nezbytné pokud možno odeslat co nejdříve po odběru, pokud toto není možné, je nutné ji až do odeslání uchovávat v lednici v chladu.

Stěr z bukální sliznice

Pro zajištění nekontaminovaného odběru je nutná čistá dutina ústní, proto je důležité, aby zvíře nejméně 15 minut před odběrem nejedlo a nepilo. Pro odběr si připravíme sterilní kartáček, který buď poskytne sama laboratoř anebo jsou k dispozici na internetu, které odběrové pomůcky laboratoř uznává a následně vyšetří. Sterilní kartáček vyjmeme z obalu, je nutné dávat pozor, na to, aby kartáček nebyl kontaminován dotekem ruky nebo jiným předmětem v okolí. Pro správný odběr vzorku umístíme kartáček mezi lící a čelist a 10 x setřeme v protisměru tahem a rotací. Snažíme se vyhnout slinám a také se nesmí stírat jazyk. Po odběru necháme kartáček chvíli oschnout, nikam ho nepokládáme, aby se nekontaminoval. Když kartáček oschne, označíme jej a vložíme do obálky. Celý proces opakujeme ještě jednou s druhým kartáčkem. Obálku s označenými vzorky I. a II. označíme nezaměnitelnými identifikačními údaji jedince.

Stěr z bukální sliznice u mlád'at

Protože hrozí bezprostřední nebezpečí kontaminace od matky nebo sourozenců jejich buňkami, je vhodné před samotným stěrem omezit vzájemný kontakt matky a sourozenců alespoň na 30 minut. Také je třeba dodržet, aby mládě před odběrem z bukální sliznice 15 minut nejedlo a nepilo. Dále se již postupuje stejným způsobem jako při odběru u dospělých jedinců. Po odběru kartáček označíme, provedeme ještě jeden kontrolní, který opět označíme a vložíme do obálky, kterou označíme nezaměnitelnými identifikačními údaji jedince.

2.5. Metody hodnocení genetické diverzity

Plemena jsou definována jako vnitrodruhové skupiny, které mají relativně jednotné fyzikální vlastnosti vyvinuté za kontrolovaných podmínek ze strany člověka. Psí plemena byla původně vyšlechtěna z psovitých šelem podle země původu nebo zeměpisné oblasti a chovná zvířata byla vybrána pro své fenotypové znaky, jako například velikost, barvu srsti, strukturu a chování. Nová plemena byla vyšlechtěna z existujících plemen, každé základní plemeno poskytuje fenotypovou vlastnost, která je šlechtěna homozygotně. Toto poznání je založeno na dostupnosti plemenných historií. Většina existujících psích plemen byla vyšlechtěna v 19. století. Výběr fenotypu má za následek různorodost psích plemen např. vysoké rafinované barzoje, malé podsadité mopsy. Žádné jiné druhy zvířat, neukazují rozsah fenotypové rozmanitosti tak, jak je to vidět u čistokrevných psů.

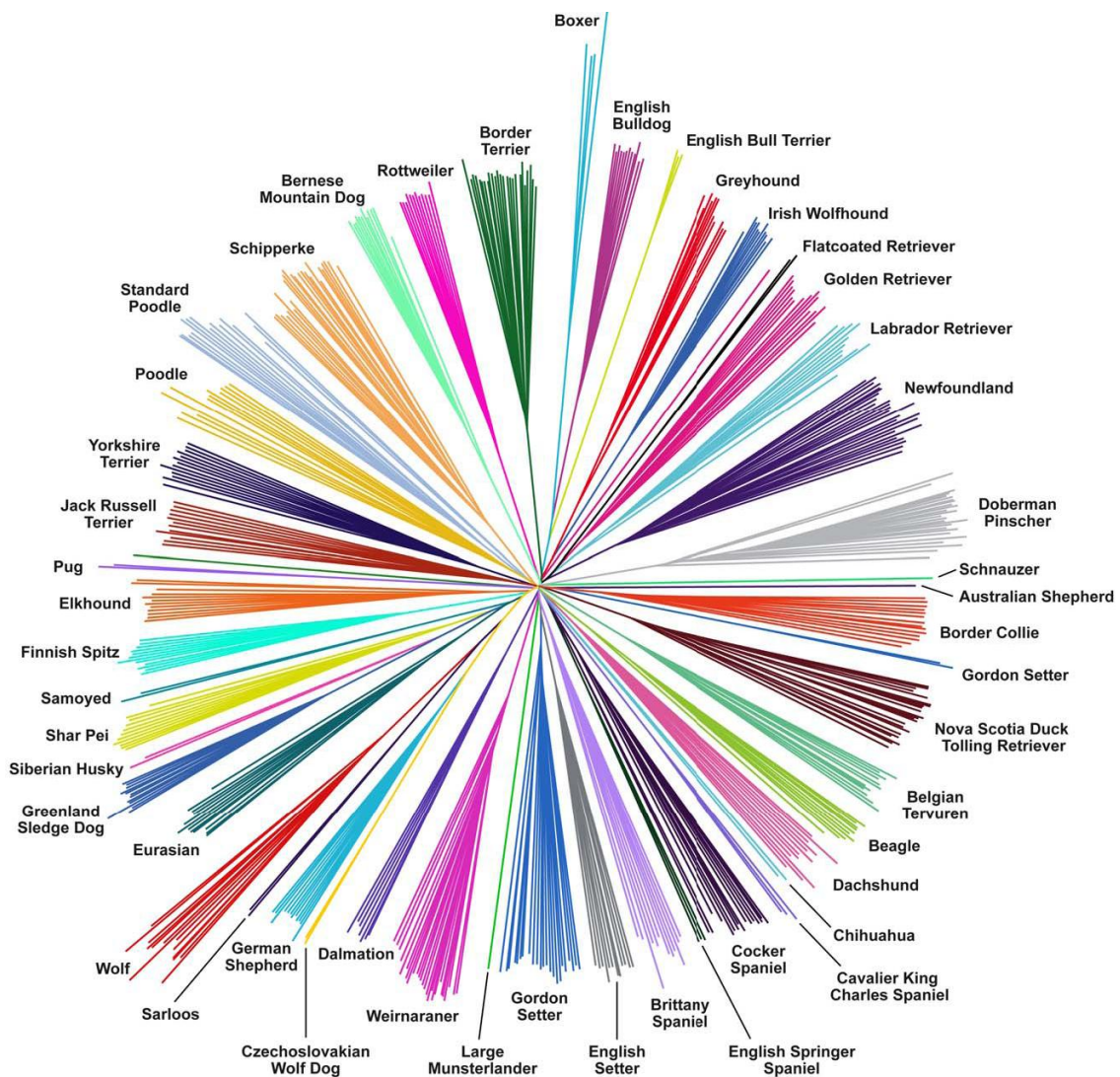
Některé předpoklady ve většině geneticko-asociačních studiích využívají čistokrevné psy. Předpokládá se, že čistokrevní psi představují samostatnou, uzavřenou, vrozenou populaci projevující se silným zakladatelským efektem. Proto se očekává, že budou omezeny fenotypové a genetické změny v rámci plemen s výjimkou všeobecné variability mezi plemeny. Tyto předpoklady jsou pravděpodobně bezpečné, uvedené registrační postupy pro čistokrevné psy, které určují, že pes nemůže být pokládán za čistokrevného, pouze pokud jsou oba jeho rodiče registrováni jako čistokrevní. Nicméně, společný důsledek znamená, že čistokrevná plemena tvořící homogenní populaci mohou být problematická.

Původ plemen má hodně společného s genetickou diverzitou. Plemeno založené na práci s fenotypem má tendenci mít odlišný zakladatelský původ a významnou diverzitu. Dokonce, i když plemeno prochází tzv. populačním hrdlem láhve (bottleneck effect), může si zachovat značné množství genetické diverzity. Mnoho plemen také prošlo snížením diverzity díky hrdlu láhve, tak jak se to stalo během 2. světové války. U většiny těchto plemen se jejich genofond znovu rozšířil během chovu po mnoho následujících generací, což vyústilo ve stabilní populaci zdravých psů.

Nejdůležitějším faktorem pro snižování genetické diverzity u psích plemen je syndrom populárního chovného samce. Nadužívání oblíbeného chovného samce až za rozumnou mez. Díky hojnému páření, významně vychyluje genofond směrem k tomuto samci a snižuje diverzitu genofondu. Jakékoliv geny, které takový samec vlastní ať pozitivní nebo negativní zvýší svou frekvenci. Díky tomuto efektu zakladatele se mohou objevit genetické choroby spojené s plemenem. Dalším zákeřným efektem syndromu oblíbeného samce je ztráta genetického přispění kvalitních nepříbuzných samců, kteří nejsou využiti v chovu. Počet kvalitních fen, které

jsou připuštěny každý rok, je omezen. Pokud je využíván jeden samec v nadměrném množství páření, zůstane méně samic, které zbudou pro tyto kvalitní samce, kteří by také měli přispět do genofondu. Syndrom populárního samce je významným faktorem jak u plemen s velkými, také u plemen s malými populacemi.

Silný a soustředěný selekční tlak spočívající ve vývoji domácích plemen vedl ke ztrátě genetické diverzity. Některá plemena potenciálně ztrácí více než jiné vzhledem ke střídání v chovatelských postupech a historii.



Obr. 8 Seskupování plemen do stromu (Vaysse *et al.*, 2011)

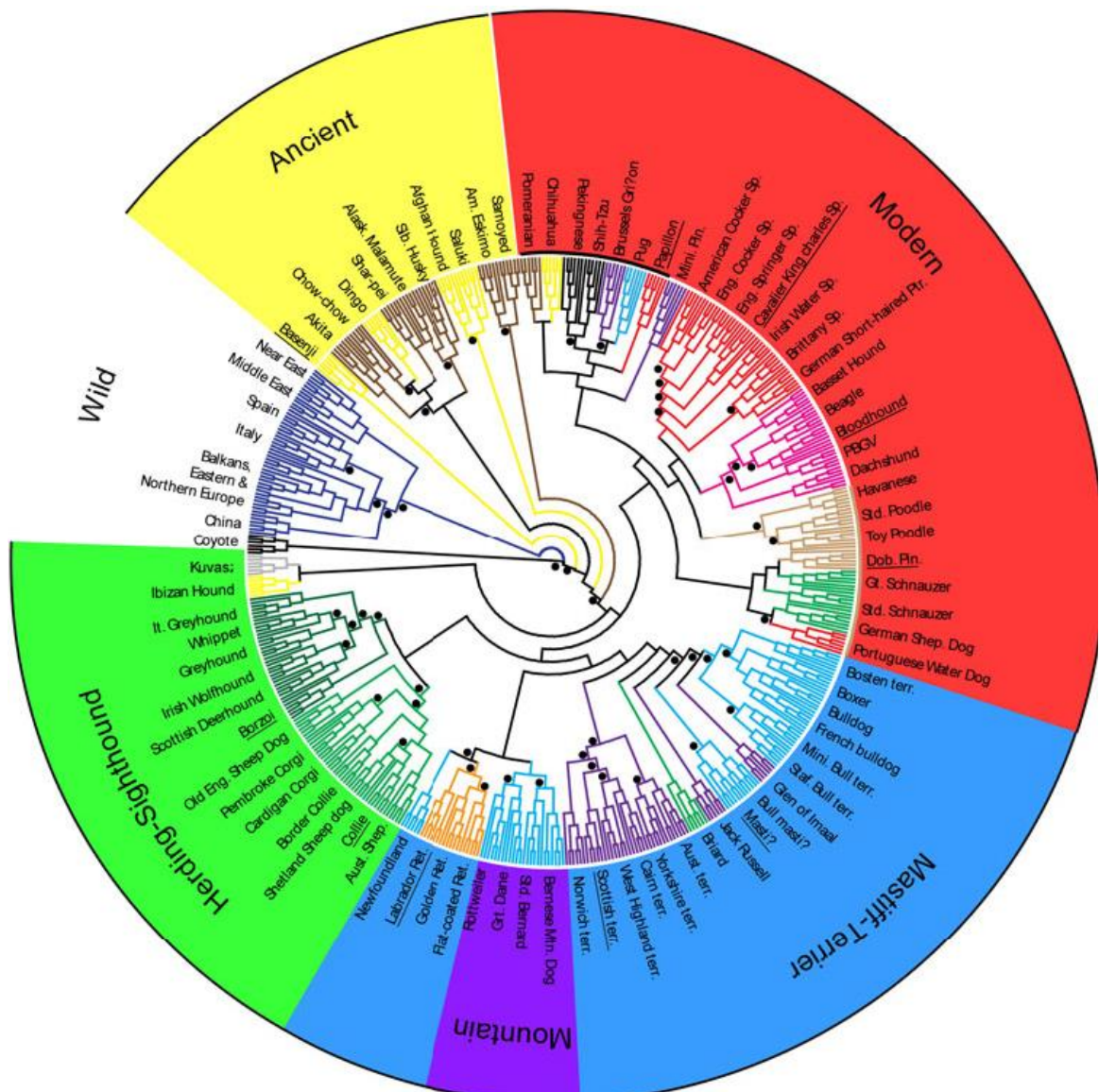
Vaysse *et al.* (2011) (obr. 8) pomocí blízkého spojení stromu znázorňuje postavení základních genetických vzdáleností představující vztahy mezi vzorky. U více než 170 000 SNP byly zjištěny genotypy 46 různých psích plemen a vlků. Větve boxera jsou delší, což pravdě-

podobně představuje vliv zjištění odchýlení v SNP. To bylo objeveno ve srovnání sekvencí zahrnujících referenční sekvenci boxerů.

Některá plemena vykazují tendenci k seskupování do stromu, například jako jsou plemena retrívů, španělů, setrů a teriérů. Nicméně, délka vnitřních větví, které vedou k těmto klastrům, jsou jen malý zlomek průměrné celkové délky větví v těchto klastrech. To znamená, že genetické variace u psů jsou mnohem více ovlivněny vytvářením plemene než jejich historickým původem, ačkoli podrobná analýza těchto dat má sílu odhalit jejich historický původ (von Holdt *et al.*, 2010). Strom v souladu s předchozími studiemi podporuje přesnost a spolehlivost řady. Dlouhá větev boxera pravděpodobně odráží SNP zjištění v řadách, strom odráží rozsáhlý polymorfismus a to jak uvnitř tak i mezi plemeny. To naznačuje, že zjištěné schéma SNP není problematické. Řada je vhodná, jak uvnitř tak i mezi mapováním genů plemen (Vaysse *et al.*, 2011).

Genetický polymorfismus, heterozygotnost a fylogeneze byly studovány pomocí různých genetických markerů: autozomálních mikrosatelitních markerů, chromozomu Y markerů, mitochondriální DNA (mtDNA) a v poslední době jedno-nukleotidovými polymorfismy (SNP). Všechny tyto typy markerů byly použity pro rozlišení savčích populací s různou mírou úspěšnosti. Nicméně pokud jsou použity samostatně, tak každý typ markerů má svá omezení. Analýza chromozomu Y markerů a mtDNA sekvence omezuje studium na zlomek celkového genetického materiálu jednoho pohlaví. Navíc mtDNA ukázaly 20 - násobný nárůst rychlosti mutace přes hypervariabilní oblasti vztahující se k jaderné DNA a Y chromozomální mikrosatelity mají stejně vysokou míru mutací k autozomálních markerům (Sigurgardottir *et al.*, 2000). SNP jsou hojné v genomu, mají nižší míru mutace než mikrosatelitní markery a mitochondriální DNA. Poté, co byly objeveny, můžou být efektivně testovány a analyzovány. Nicméně současný nedostatek SNP, který je k dispozici pro psy, omezuje přístup do chovu populačních studií.

Polymorfismus markerů byl stanoven na relativním počtu a frekvenci alel pro konkrétní lokus v rámci každého plemene. Počet a frekvence alel byly stanoveny přímým počítáním. Index fixace, F_{ST} (často symbolizovaný jako G_{ST} , kdy je tam více než dvě alely na lokus) byl použit k zajištění míry genetické diferenciace, kde $F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T \cdot H_T$ je měřítkem celkové heterozygotnosti pro lokus (tedy pravděpodobnost, že dvě gamety náhodně vybrané z celkového počtu populace, budou mít různé alely) a H_S je subpopulace heterozygotnosti (tj. průměr heterozygotnosti mezi subpopulacemi). Heterozygotnost byla poté zprůměrována pro všech 100 markerů pro každé plemeno (Irion *et al.*, 2003).



Obr. 9 Strom plemen psů (Rimbault *et al.*, 2012)

Rimbault *et al.* (2012) pomocí kruhu znázorňuje (obr.9) genetické seskupování domácích psů a šedých vlků. Vnitřní kruh je blízké spojení stromu reprezentující seskupování domácích plemen psů do 10 skupin na základě srovnání 10 SNP haplotypů. Vnější kruh zobrazuje pět skupin, dříve zjištěné z analýzy mikrosatelitů 130 plemen. Shromážděná plemena na základě SNP ukazatelů zvyšují definice vztahu mezi plemeny. Blízké spojení stromu je postavené z porovnání 10-SNP holotypových a 80 skupin plemen psů členěných do cca 10 plemenných klastrů. Srovnatelné klastry z mikrosatelitní analýzy 130 plemen (Parker *et al.*, 2007) jsou označeny barevnými pruhy mimo strom (Parker, 2012).

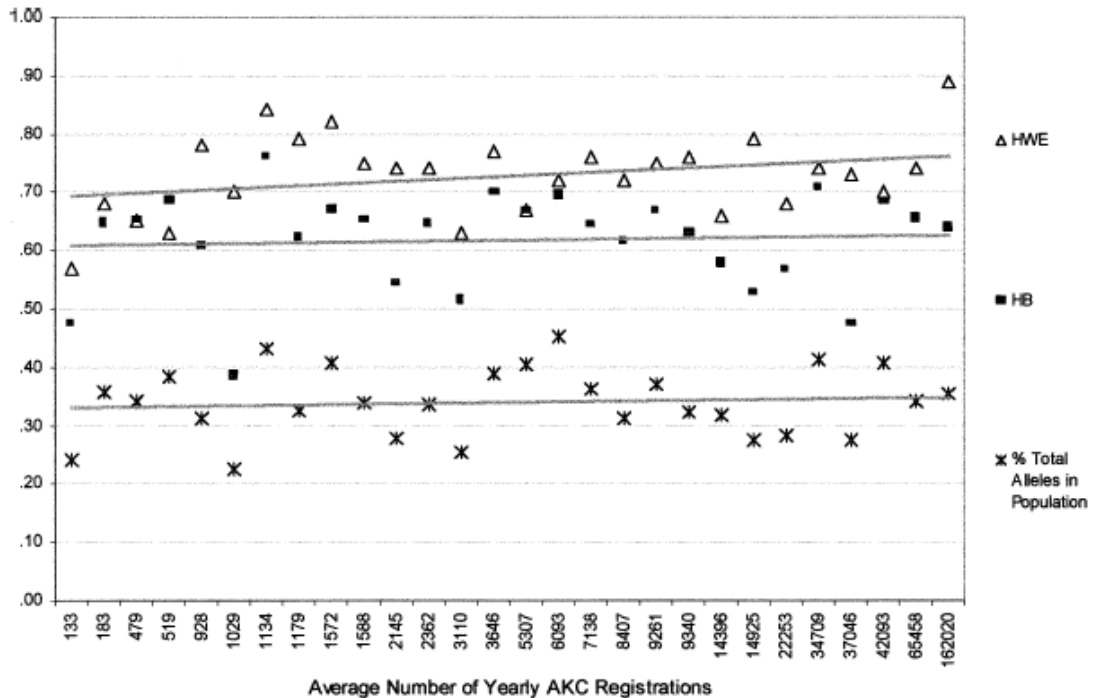
Tab. 1 Výsledky testovaných psů, heterozygotnost (H_B), směrodatná odchylka heterozygotnosti (SD_H), a počet AKC (American Kennel Klub) registrovaných za posledních 5 let na plemeno (Irion *et al.*, 2003)

AKC Skupiny	Plemeno česky/anglicky	H_B^a	SD_H^a	Počet AKC zaregistr./rok
Ovčácká a pastevecká plemena	Velškorgi pembroke / Penbroke Welsh corgi	.630	.017	9,340
	Belgický ovčák dlouhosrstý / Belgian tervuren	.650	.017	479
	Border kolie / Border Collie	.669	.018	1,572
	Australský ovčák / Australian shepherd	.696	.012	6,093
Chrti a honiči	Barzoi / Borzoi	.605	.021	928
	Norský losí pes / Norwegian elkhound	.623	.015	1,179
	Rhodéský ridgeback / Rhodesian ridgeback	.647	.015	2,362
	Greyhound / Greyhound	.648	.017	183
Nelovecká plemena	Anglický buldok / Bulldog	.581	.020	14,396
	Vlčí špic / Keeshond	.650	.015	1,588
	Čau čau / Chow chow	.666	.017	5,307
	Americký eskymácký pes / American Eskimo dog	.686	.014	519
Lovečtí psi	Výmarský ohař / Weimaraner	.614	.017	8,407
	Labrador retrivr / Labrador retriever	.641	.016	162,020
	Zlatý retrivr / Golden retriever	.657	.016	65,458
	Břeťanský ohař / Brittany spaniel	.666	.014	9,261
Teriéři	Bulteriér / Bull terrier	.387	.021	1,029
	Miniaturní bulteriér / Miniature bull terrier	.474	.019	133
	Erdelteriér / Airedale terrier	.515	.020	3,110
	Jack russel teriér / Jack Ruseel terrier	.758	.012	1,134
Společenská plemena	Mops / Pug	.566	.017	22,253
	Yorkšírský teriér / Yorkshire terrier	.684	.018	42,093
	Papillon / Papillon	.698	.013	3,646
	Německý špic / Pomeranian	.705	.014	34,709
Pracovní psi	Německý boxer / Boxer	.474	.023	37,046
	Dobrman / Doberman pinscher	.527	.017	14,945
	Bernský salašnický pes / Bernese mountain dog	.543	.019	2,145
	Akita-inu / Akita	.642	.018	7,138

^a střední hodnota pro testovaných 100 mikrosatelitních markerů

Zajc *et al.* (1997) uvádí (tab. 1) průměrnou plemennou heterozygotnost (H_B) pro všech 100 mikrosatelitních lokusů, pro 28 plemen, která byla předmětem šetření. Je zřejmé, že množství genetické variability je značné a hodnoty jsou podobné jako u jiných řešitelů. Celkem heterozygotnost (H_T) pro všechna plemena byla vysoká (0,618), s rozsahem 0,387 - 0,758 mezi plemeny. Pouze tři plemena klesla pod 0,500 H_B : bull teriér, miniaturní bulteriér a

německý boxer. Průměrná standardní odchylka pro H_B byla 0,017 s rozsahem 0,012 - 0,023. Byly zjištěny významné rozdíly mezi nejméně a nejvíce heterozygotními plemeny v každé ze sedmi skupin, skupina teriérů ukazuje největší odlišnost (Irion *et al.*, 2003).

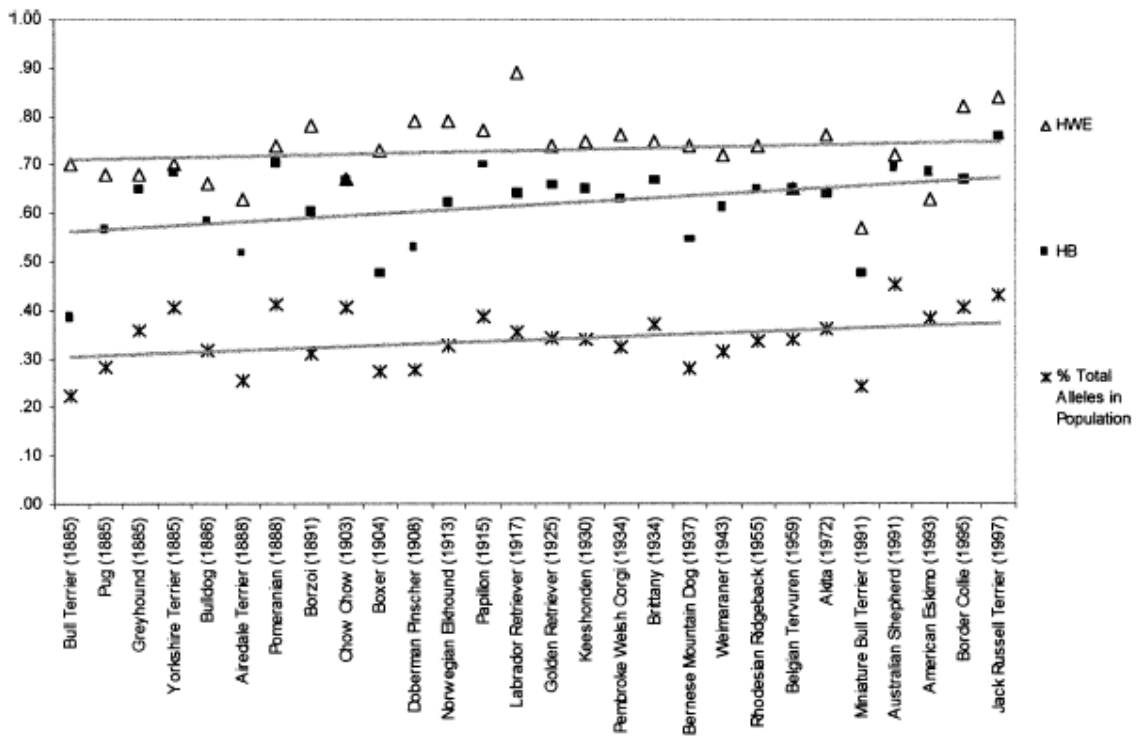


Graf 1. Procento lokusů v Hardy-Weinberg rovnováze (HWE), průměrná heterozygotnost (H_B), a procento z celkových pozorovaných alel pro každé plemeno v pořadí podle průměrného počtu AKC registrací za rok. Trendy pro každé datové řady jsou uvedeny v šedé barvě. (Irion *et al.*, 2003)

Pokud chceme zjistit vliv tohoto širokého spektra na heterozygoty, použijeme H_B hodnoty a vneseme je proti odhadované velikosti populace (graf 1). U všech studovaných 28 plemen byla zjištěna jen nepatrná korelace mezi odhadovanou velikostí populace a H_B (~ 3%). Bylo zjištěno, že silnější korelace mezi dnem uznání plemene ze strany registru a H_B se v poslední době u uznaných plemen ukazuje přibližně o 19% vyšší H_B než u dříve uznaných plemen (graf 2) (Irion *et al.*, 2003).

Míra mutace je jen částí vysvětlení pro nedostatek korelace mezi frekvencemi alel pro skupinu 66 markerů a fenotypů plemen. Zatímco některé mikrosatelity mohou být úzce spojeny k fenotypům podle výběru, ostatní mikrosatelity mohou být selektivně neutrální. Může to být tak, že několik lokusů v této studii je příliš vzdálených od vybraných vlastností pro zajištění dobrého rozlišení plemene. Dále se odhaduje, že jen 0,2 % genomu se liší mezi psem domácím a vlkem šedým (Wayne, 1993). Na psa domácího se extrapolovala jen malá část

genomu, která pak byla zodpovědná za plemenné rozdíly. A k tomu bylo nezbytné použít DNA sekvenci dat. Nakonec se genetické markery pevně spojily k genům odpovědným za vybrané fenotypy k určení fylogeneze. Z tohoto důvodu jsou SNP nyní používány k objasnění úzkých historických vztahů v lidské populaci. SNP bude pravděpodobně zapotřebí ke stanovení fylogeneze také psích plemen.



Graf 2. Procento lokusů v Hardy-Weinberg rovnováze (HWE), průměrné heterozygotnosti (HB), a procento z celkového pozorování alely pro každé plemeno od nejstarších po nejnovější plemena v registraci. Trendy pro každou datovou řadu jsou prezentovány v šedé barvě. (Irion *et al.*, 2003)

Bylo také zajímavé zjistit, zda se počet alel od jednoho plemene lišil vzhledem k celkovému počtu alel pozorovaných u všech plemen a do jaké míry bylo toto ovlivněno velikostí populace a časem od doby uznání v registru. Počet alel na plemeno je zrcadlová úroveň heterozygotnosti (graf 1 a 2) v závislosti na velikosti populace. Plemena s menšími populacemi měla asi o 6% méně alel než plemena s větší populací. Když se údaje vynesou na časovou osu od doby uznání v registru, počet alel pozorovaných na plemeno byl nižší o 7% pro dříve uznaná plemena. (Irion *et al.*, 2003).

V současnosti mají mikrosatelitní markery více výhod, jako například snadnost použití, dostupnost, vysoký stupeň polymorfismu ve srovnání k SNP a možnost použití pro obě pohlaví. Musí se, ale dbát na pečlivost. A vyloučit ze studie mikrosatelitů vysoký mutační potenciál. Webster *et al.* (2002) oznámil pětinasobný nárůst v míře mutace dinukleotidů při

opakování délky větší než 18 bp a téměř desetinásobný nárůst tetranukleotidu při opakování větším než 18 bp. Brohede *et al.* (2002) zaznamenal, že mutační míra narostla o 0,1% při opakující se jednotce přes více než 10 opakujících se jednotek. Z těchto pozorování je pravděpodobné, že dinukleotidy s méně než 10 alelami jsou celkem stabilní a užitečné pro studie populací. Výsledky této studie podporují předchozí výsledky, že existují široké genetické variace mezi současnými plemeny psů, i když přesnému určení fylogeneze z takové modifikace je bráněno proměnlivostí mikrosatelitních markerů. Začlenění analýzy sekvence DNA ostatními informativními genetickými markery by mělo značně zlepšit přesnost křížení genetické vzdálenosti a rozmanitost odhadů.

Hodnocení Hardy-Weinbergovy rovnováhy zjistilo, že průměrně 27% z markerů jednoho plemene bylo z rovnováhy. Hodnoty se pohybovaly od 11% (Labrador retriever) do 43% (miniaturní bulteriér). Když průměrné hodnoty Hardy-Weinbergovy rovnováhy pro všech 28 plemen byly vneseny proti jejich odhadované velikosti populace, byl trend cca 10% nárůstu a v Hardy-Weinbergově rovnováze se objevil jako nárůst velikosti populace. Když se podíváme v závislosti na čase od uznání do registru, počet lokusů v Hardy-Weinbergově rovnováze měl tendenci být o 4% vyšší u uznaných plemen v poslední době (Irion *et al.*, 2003).

Většina moderních chovatelů čistokrevného psa si vybírá plemenná zvířata na základě přizpůsobení a hodnocení pomocí úspěchu na výstavách. Zvířata jsou hodnocena na těchto výstavách podle psaných standardů. Jsou specifické a mají mnoho znaků. Požadovaná kvalita psího vzhledu je označována jako „typ“ a vítězni psi jsou popisováni jako výstavní „excelentní plemenný typ“. Top vítězni psi produkují velký podíl potomků se znaky, které jsou často děděny tak, aby byli „dominantní“ (vysoce homozygotní) což znamená, že jsou spolehlivou „základnou“, že jejich potomci mají úspěšný fenotyp. Modifikace se nedoporučuje a křížení je zakázáno, protože snižuje konzistenci typu. Tyto šlechtitelské postupy mohou mít za následek pozoruhodnou fenotypovou stejnorodost a další snížení efektivní velikosti populací plemen, které již mohou pocházet jen od hrstky zakladatelů. Tyto vzory potlačovaného genetického toku mezi psími plemeny a intenzivní inbreeding (příbuzenské šlechtění) v rámci plemen vyrábí zřejmě populační izoláty, které jsou v mnoha ohledech ideální pro genetické analýzy (Chang, 2009).

Na druhou stranu s tím, jak šlechtění postupuje, vzrůstá při zaměření jen na určité znaky míra předpověditelnosti toho, jak bude vypadat potomstvo toho kterého psa. Zmíněná předpověditelnost má však neblahé důsledky pro genofond příslušného plemene. Šlechtitelé drasticky omezili množství genetické informace v dané psí populaci například informace o pestrosti barvy a délky srsti či velikosti zvířat nebo jejich povaze. Tento druh výběru se pro-

vádí záměrně, ale existují i jiné znaky, které jsou vybrány nechtěně. Větší plemena čistokrevných psů jsou tím pádem náchylná k dysplazii kyčlí, jiné trápí srdce.

Celkem existuje 500 známých genetických nemocí vyskytujících se u psů. To je méně než počet známých genetických nemocí u lidí, ale u psů se genetická onemocnění objevují v daleko větší míře. Problém spočívá v tom, že při podobně redukovaném genofondu není možné se vyhnout plození nemocných psů, protože to by ještě více genofond ochuzovalo a mohlo by to vést k novým nemocem a poruchám v chovu.

U kříženců je mnohem menší pravděpodobnost výskytu těchto nemocí, protože mnozí z nich jsou geneticky recesivní, zdravý exemplář genu převáží nad genem nemocným. A protože zmíněné nemoci jsou často vázány na určité plemeno, vyprodukuje zkřížení dvou čistokrevných psů různých plemen běžně mnohem zdravější potomstvo, než kdyby se spářili dva jedinci téhož čistokrevného plemene.

Všechny tyto faktory dohromady způsobily, že jsou moderní plemena velmi geneticky ochuzena a u některých plemen bylo předáno současným potomkům jen 10 % genetické pestrosti než, kterou měla před 40 lety (Cosner, 2010).

3. Závěr

Pes domácí je zcela unikátní experiment v lidských dějinách. Nikdy předtím ani potom lidé neměli možnost určit fyzické a psychologické atributy jako důležitý prvek zvířete. Výsledkem je, že psi neslouží jen jako náš nejbližší společník, ale pomáhají nám jako lovci, vodící psi, pastevci atd.

Problematika genetické diverzity znepokojuje chovatele psů a může být obavou speciálně pro chovatele plemen s malými populacemi. Je to znepokojení, zdali existuje dost genetické variability uvnitř plemenného genofondu, aby bylo zachováno zdraví a vitalita. Chovatelé by se o genetickou diverzitu měli obávat, protože existují příklady, kdy díky chovatelským praktikám došlo k poškození plemene. Omezení genetické diverzity se ale může objevit i u plemen s velkými populacemi.

Dostupné genetické testy mají výhody, ale také svá omezení. Pokud se je naučíme správně interpretovat, mohou nám pomoci při sestavování našich chovatelských plánů.

Pokud budou existovat chovatelé s různými chovatelskými plány, metodami a s různými cíli, bude zachována diverzita. Řešení leží v rozdílných názorech chovatelů na to, jak má vypadat ideální pes. Chovatelé se musí zaměřit jak na exteriérové tak na povahové vlastnosti psů a snažit se omezit výskyt dědičných chorob spojených s daným plemenem. Měli by využívat dostupné genetické a fenotypové informace o svých psech i o jejich nejbližších příbuzných a snažit se kontrolovat výskyt jak monogenních a polygenních chorob, tak chorob u kterých není dosud znám způsob přenosu. Pokud se bude více chovatelů snažit eliminovat defektní geny v populaci, dědičná zátěž celé rasy se bude snižovat.

Nejlepší metody pro zajištění zdraví a diverzity genofondu jakéhokoliv plemene jsou:

- Vyhnout se syndromu populárního samce.
- Použití kvalitních psů z celé šire populace, aby se rozšířil genofond.
- Monitorování problematiky genetického zdraví za použití pravidelného průzkumů zdravotního stavu.
- Provádět genetické testování chorob vázaných na plemeno.

4. Seznam použité literatury

Odborná literatura:

ROUSSELET-BLANC, P. *Velká obrazová encyklopedie PES*, 1. vyd., Praha: Nakladatelství Václav Sojka & Co, 1999, 376 s., ISBN 80-7237-215-7

TAYLOR, D. *Velká kniha o psech*, 2. vyd., Bratislava: Gemini, 1992, 240 s., ISBN 80-85265-54-0

FOGLE, B., *Nová encyklopedie psů*, 1.vyd., Praha: Fortuna Print, 2002, 416 s., ISBN 80-7321-037-1

GALAJDOVÁ, L. *Pes lékařem lidské duše aneb canisterapie* ,1. vyd., Praha: Grada Publishing, 1999, 190 s., ISBN 80-7169-789-3

CÍSAŘOVSKÝ, M., *Pes: nekonečný příběh od pravěku do třetího tisíciletí*, 1. vyd., Praha: Canis, 2008, 902 s., ISBN 978-80-900820-1-4.

DOSTÁL, J. *Genetika a šlechtění plemen psů*, 1. vyd., České Budějovice: Dona, 2007, 261 s., ISBN 978-80-7322-104-1

DOSTÁL, J. *Chov psů – genetika v kynologické praxi*, 1. vyd., České Budějovice: Dona, 1995, 206s., ISBN 80-85463-58-X

RELICHOVÁ, J., *Genetika populací*, 1. vyd., Brno: Masarykova univerzita, 2009, 187 s., ISBN 978-80-210-4795-2

CARAS, R.A., *Zvířata, která změnila člověka: historie prolinání životů zvířat a lidí*. 1. vyd., Praha: Rybka, 1999, 261 s., ISBN 80-86182-25-8

ERNST, M., KLIMENT, J., LEVÝ, E., PUTNAROVÁ, L., STEJSKAL, M. *Využití mikrosatelitních analýz při šlechtění populace bílých jelenů u LČR, s.p.*, Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, Projekt Grantové služby LČR, 2008 , 22s.

JAKUBEC, V., BEZDÍČEK, J., LOUDA, F., *Selekce - inbríding – hybridizace*, 1.vyd., Rapotín: Agrovýzkum Rapotín, 2010, 382 s., ISBN 978-80-260-0703-6

GILLESPIE, J. H., *Population Genetics: A Concise Guide*, Johns Hopkins University Press, 2. vyd., 2010, 232 s., ISBN 978-14-214-0170-6

ALLENDORF, F. W., LUIKART, G. H., *Conservation and the Genetics of Populations*, Blackwell Publishing, 1.vyd., 2007, 664 s., ISBN 978-14-443-0905-8

OTOVÁ, B., MIHALOVÁ, R., *Základy biologie a genetiky člověka*, 1. vyd., Praha: Karolinum, 2012, 227 s., ISBN 978-80-246-2109-8

FALCONER, D.S., *Introduction to quantitative genetics*, 1. vyd., Oliver and Boyd, 1961, 385 s

PORÁČOVÁ, J., ŠUTIÁKOVÁ, I., *Základy genetiky pre študentov vysokých škôl prírodovedného zamerania*, Prešovská univerzita, 2006, 267 s., ISBN 978-80-806-8455-6

KOHOUTOVÁ, M., a kolektiv, *Lékařská biologie a genetika II.*, Praha: Karolinum, 1. vyd., 2012, 202 stran., ISBN: 978-80-246-1873-9

PANCZAK, A., A KOL., OTOVÁ, B., *Lékařská biologie a genetika III.*, Praha: Karolinum, 1. vyd., 2013, 146 s., ISBN 978-80-246-2415-0

KNOLL, A., VYKOUKALOVÁ, Z., *Molekulární genetiky zvířat : (metody detekce polymorfizmů DNA genů)*, 1. vyd., Brno: Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, 2002, 100 s., ISBN 80-7157-616-6

KOSTŮKOVÁ, M., *Genetické markery ve studiu genetické diverzity v populacích hospodářských zvířat*, Brno: Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, 2009, 57 s., [Bakalářská práce]

Odborné časopisy:

KANIA-GIERDZIEWICZ, J., GIERDZIEWICZ M., KALINOWSKA B., Analysis of founder and ancestor contribution to the Golden and Labrador Retriever populations in the area of Cracow Branch of the Polish Kennel Club, *Animal Science Papers and Reports* 2013: 31 (1), 45 - 54 s.

IRION, D. N., SCHAFFER, A. L., FAMULA, T. R., EGGLESTON, M. L., HUGHES, S. S., PEDERSEN, C., Analysis of Genetic Variation in 28 Dog Breed Populations With 100 Microsatellite Markers, *Journal of Heredity*, 2003: 94 (1), 81 - 87 s.

CHANG, M. L., YOKOYAMA, J. S., BRANSON, N., DYER, D. J., HITTE, CH., OVERALL, K. L., HAMILTON, S. P., Intra-breed Stratification Related to Divergent Selection Regimes in Purebred Dogs May Affect the Interpretation of Genetic Association Studies, *Journal of Heredity*, 2009: 100 (Supplement 1), 28 - 36 s.

BELL, J. S., Small population Breeds and issues of Genetic diversity, *Tufts Cummings School of Veterinary Medicine*, MARCH 2007, 8 - 9s.

RIMBAULT, M., OSTRANDER, E. A., So many doggone traits: mapping genetics of multiple phenotypes in the domestic dog, *Human Molecular Genetics*, 2012: 21 (1), 52 - 57s.

PARKER, H.G., Genomic analyses of modern dog breeds, *Mamm Genome*, 2012: 23, 19 - 27 s.

PARKER, H.G., KUKEKOVA, A.V., AKEY, D.T., GOLDENSTEIN, O., KIRKNESS, E.F., BAYSA, K.C., MOSHER, D.S., AGUIRRE, G.D., ACLAND, G.M., OSTRANDER, E.A., Breed relationships facilitate fine-mapping studies: A 7.8-kb deletion cosegregates with Colie eye anomaly across multiple dog breeds, *Genome Res.*, 2007: 17, 1652 - 1671 s.

POKORNÁ, J., Původ a domestikace psa, [online], © 1999 – 2014, *Fauna Magazin*, s.r.o., 2007, ročník 18, číslo 12 [citace 11-2-2014].

Dostupné na: <<http://www.ifauna.cz/archiv/rocnik/18/cislo/12/clanek/4270/puvod-a-domestikace-psa/?r=psi>>

SIGURGARDOTTIR, S., HELGASON, A., GULCHER, J.R., STEFANSONN, K., DONELLY, P., The mutation rate in the human mtDNA kontrol region, *Am J Hum Genet*, 2000: 66, 1599 - 1609 s.

ZAJC, I., MELLERSH, C.S., SAMPSON, J., Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds, *Mamm Genome*, 1997: 8, 182 - 185 s.

WAYNE, R. K., Molecular evolution of the dog family, *TRENDS GENET*, 1993: 9, 218 - 224 s.

WEBSTER, M.T., SMITH, N.G., ELLENGREN, H., Microsatellite evolution inferred from human-chimpanzee genomic semence alignments, *Proc Natl Acad Sic USA*, 2002: 99, 8748 - 8753 s.

BROHEDE, J., PRIMMER, C.R., MOLLER, A., ELLENGREN, H., Heterogeneity in the rate and patern of germiline mutation at individual microsatellite loci, *Nucleic Acids Res*, 2002: 30, 1997 - 2003 s.

VAYSSE, A., RATNAKUMAR, A., DERRIEN, T., AXELSSON, E., ROSENGREN PIELBERG, G., et al., Identification of Genomic Regions Associated with Phenotypic Variation between Dog Breeds using Selection Mapping, *PLoS Genet*, 2011: 7 (10), 1 - 21 s.

VONHOLDT, B.M., POLLINGER, J.P., LOHMUELLER, K.E., HAN, E., PARKER, H.G., et al., Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication, *Nature*, 2010: 464, 898 – 902 s.

HEDRICK, P. W., Conservation genetics: where are we now?, *Trends in Ecology & Evolution*, 2001: 16(11), 629-636 s.

SLATKIN, M., A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies, *Genetics*, 1995: 139 (1), 457-462 s.

MORJAN, C. L., RIESEBERG, L. H., How species evolve collectively: implications of gene flow and selection for the spread of advantageous alleles, *Molecular Ecology*, 2004:13(6), 1341–1356 s.

SU, H., QU, L.-J., HE, K., ZHANG, Z., WANG, J., CHEN, Z., GU, H., The Great Wall of China: a physical barrier to gene flow?, *Heredity*, 2003:90, 212–219 s

NEI, M., TAJIMA, F., TATENO, Y., Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data, *Journal of Molecular Evolution*, 1983:19, 153-170 s.

EXCOFFIER, L., SMOUSE, P., QUATTRO, J., Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data, *Genetics*, 1992: 131, 479-491 s.

SVOBODOVÁ, K., HORÁK, P., DVOŘÁK, J., Analýza variability vybraných SNPs u psů. In RYANT, P. -- CERKAL, R. -- STŘEDA, T. -- KAPLER, P. -- VEJRAŽKA, K. *MendelNet'05 Agro*. Brno: Mendelova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, 2005, 1-19 s. ISBN 80-7157-905-X.

COSNER, L., Parade of Mutants - Pedigree Dogs and Artificial Selection, *Creation*, 2010: 32 (3), 28-32 s.

Elektronické zdroje:

URBAN, T., *Virtuální svět genetiky 3 – principy genetiky populací a kvantitativních znaků*, [online], ©2008 TGU [citace 5-11-2014].
Dostupné na: <<http://user.mendelu.cz/urban/vsg3/index.html#>>

AUTOR NEUVEDEN, *Stanovení genetického profilu psa*, [online], © 2008-2014 [citace 5-11-2014]. Dostupné na: <<http://www.genomia.cz/cz/test/dog-dna-profile/>>.

AUTOR NEUVEDEN, *Základy etologie psů*, [online], © 2001 - 2013 [citace 7-2-2014].
Dostupné na: <<http://www.cz-pes.cz/literatura-veterina-etologie.php>>.

TICHÁ, V., *Kynologie v České republice*, [online], [citace 5-11-2014].
Dostupné na: <<http://www.cmku.cz/index2.php?stranka=historie>>

AUTOR NEUVEDEN, *DNA profil*, [online], [citace 13-11-2014].
Dostupné na: <http://www.laboklin.de/pages/html/cz/Genetic/dna_profil_cz.htm>.

AUTOR NEUVEDEN, *ČKF - Českomoravská Kynologická Federace* [online], © 2004 [citace 5-11-2014]. Dostupné na: <<http://mujweb.cz/uci.cz/index.htm>>.

AUTOR NEUVEDEN, *History of the FCI*, [online], [citace 5-7-2014].
Dostupné na: <<http://www.fci.be/en/History-of-the-FCI-1.html>>.

AUTOR NEUVEDEN, *Presentation of our organisation* [online], [citace 5-7-2014].
Dostupné na: <<http://www.fci.be/presentation.aspx>>.

AUTOR NEUVEDEN, *The FCI*, [online], [citace 5-7-2014]. Dostupné na:
<<http://www.fci.be/>>.

AUTOR NEUVEDEN, *Auszug aus der UCI-Satzung* [online], [citace 5-7-2014].
Dostupné na: <<http://www.u-c-i.de/satzung.shtml>>.

AUTOR NEUVEDEN, *Mitglieder des United kennel Clubs International e.V.* [online], [citace
5-7-2014]. Dostupné na: <<http://www.u-c-i.de/mitglieder.shtml>>.

AUTOR NEUVEDEN, *Mezinárodní kynologická federace* [online], [citace 5-7-2014]. Do-
stupné na: <[http://cs.wikipedia.org/wiki/Mezin%C3%A1rodn%C3%AD_kynologick%
C3%A1_federace](http://cs.wikipedia.org/wiki/Mezin%C3%A1rodn%C3%AD_kynologick%C3%A1_federace)>.

5. Seznam tabulek, grafů a obrázků

Obrázky

Obr.1 Miacis

(<http://www.ifauna.cz/archiv/rocnik/18/cislo/12/clanek/4270/puvod-a-domestikace-psa/?r=psi>)

Obr.2 Cynodictis a Tomarctus

(<http://www.ifauna.cz/archiv/rocnik/18/cislo/12/clanek/4270/puvod-a-domestikace-psa/?r=psi>)

Obr. 3 Fotografie sochy psa faraonského z Altes Museum v Berlíně

(Chlupatá, L., 2008)

Obr. 4 Fotografie Sochy boha Anubise z Vatikánského muzea v Římě

(Chlupatá, L., 2010)

Obr. 5 Římská bohyně lovu Diana se svým psím průvodcem

(<http://www.ifauna.cz/archiv/rocnik/18/cislo/12/clanek/4270/puvod-a-domestikace-psa/?r=psi>)

Obr. 6 Mapa členských států

(http://cs.wikipedia.org/wiki/Mezin%C3%A1rodn%C3%AD_kynologick%C3%A1_federace)

Obr. 7 Průměrná doba fixace závisí na velikosti populace a původních alelových frekvencích. Původní frekvence alel jsou pro oba grafy $p_A = q_a = 0,5$, avšak graf A popisuje vývoj alelových frekvencí (zahrnující i fixaci alel) v populaci 18 jedinců, graf B pro populaci o 100 jedincích. Osa X – počet generací, osa Y – alelická frekvence p_A (PANCZAK, A., KOL., OTOVÁ, B., *Lékařská biologie a genetika III.*, Praha: Karolinum, 1. vyd., 2013, 146 s., ISBN 978-80-246-2415-0)

Obr. 8 Seskupování plemen do stromu

(VAYSSE, A., RATNAKUMAR, A., DERRIEN, T., AXELSSON, E., ROSENGREN PIELBERG, G., et al., Identification of Genomic Regions Associated with Phenotypic Variation between Dog Breeds using Selection Mapping, *PLoS Genet*, 2011: 7 (10), 1-21 s.)

Obr. 9 Strom plemen psů

(RIMBAULT, M., OSTRANDER, E. A., So many doggone traits: mapping genetics of multiple phenotypes in the domestic dog, *Human Molecular Genetics*, 2012: 21 (1), 52 - 57s.)

Grafy

Graf 1 Procento lokusů v Hardy-Weinberg rovnováze (HWE), průměrná heterozygotnost (H_B), a procento z celkových pozorovaných alel pro každé plemeno v pořadí podle průměrného počtu AKC registrací za rok. Trendy pro každé datové řady jsou uvedeny v šedé barvě. (IRION, D. N., SCHAFFER, A. L., FAMULA, T. R., EGGLESTON, M. L., HUGHES, S. S., PEDERSEN, C., Analysis of Genetic Variation in 28 Dog Breed Populations With 100 Microsatellite Markers, *Journal of Heredity*, 2003: 94 (1), 81 - 87 s.)


Graf 2 Procento lokusů v Hardy-Weinberg rovnováze (HWE), průměrné heterozygotnosti (H_B), a procento z celkového pozorování alely pro každé plemeno od nejstarších po nejnovější plemena v registraci. Trendy pro každou datovou řadu jsou prezentovány v šedé barvě. (IRION, D. N., SCHAFFER, A. L., FAMULA, T. R., EGGLESTON, M. L., HUGHES, S. S., PEDERSEN, C., Analysis of Genetic Variation in 28 Dog Breed Populations With 100 Microsatellite Markers, *Journal of Heredity*, 2003: 94 (1), 81 - 87 s.)

Tabulky

Tab. 1 Výsledky testovaných psů, heterozygotnost (H_B), heterozygotnost směrodatné odchylky (SD_H), a počet AKC (American Kennel Klub) plemen registrovaných za posledních 5 let (IRION, D. N., SCHAFFER, A. L., FAMULA, T. R., EGGLESTON, M. L., HUGHES, S. S., PEDERSEN, C., Analysis of Genetic Variation in 28 Dog Breed Populations With 100 Microsatellite Markers, *Journal of Heredity*, 2003: 94 (1), 81 - 87 s.)

6. Přílohy

Příloha č.1 Žádanka na vyšetření

Žádanka na vyšetření		LABOKLIN LABOR FÜR KLINISCHE DIAGNOSTIK GMBH & CO. KG Steubenstrasse 4 - Bad Kissingen DE-97688 Tel.: +420 730 105 024 Fax: +49 971 68546 email: czech@laboklin.com
Genetika psů		Klientské číslo/Čárový kód
Laboratorní hodiny: po-pá: 8:00h - 17:00h, so: 9:00h - 13:00h		
Adresa kliniky: (prosíme razítko se jménem a adresou)	Adresa majitele: (Prosím píše hůlkovým písmem. Při fakturaci na majitele zvířete je požadována kompletní adresa a podpis majitele. Podpisem majitele souhlasí s úhradou faktury a se zpracováním osobních údajů podle obchodních podmínek Laboklinu).	Fakturu vystavit na: <input type="checkbox"/> veterinárního lékaře <input type="checkbox"/> majitele
	Příjmení: _____	
	Křestní jméno: _____	(podpis majitele pro vystavení faktury na jeho jméno)
Fax/email: _____	Ulice: _____	
Ust. Nr: _____	PSČ/město: _____	
Datum a podpis: _____	Datum narození: _____	
	Fax/email: _____	
	Tel.č.: _____	
<input type="checkbox"/> kurýr	Ust. Nr: _____	
Zaslání výsledku: <input type="checkbox"/> email <input type="checkbox"/> fax <input type="checkbox"/> pošta <input type="checkbox"/> Kopie výsledku majiteli		
*105 Certifikát		
Potvřuji kontrolu identity pacienta a zaslaných vzorků uvedených níže.		
Jméno: _____	Podpis / Razítko veterinárního lékaře: _____	
Identifikační číslo pacienta: _____	Datum ocběru: _____	
U každého vyšetřovaného zvířete je požadováno zadání plemene!		
Zvíře č.1 (MUSÍ BÝT VYPLNĚNO, prosíme hůlkovým písmem)		
<input type="checkbox"/> Pes		
vzorek: <input type="checkbox"/> 0,5ml EDTA plná krev <input type="checkbox"/> stěr <input type="checkbox"/> testovací FTA karta	pohlaví: <input type="checkbox"/> ♀ <input type="checkbox"/> ♂	
jméno: _____	datum narození: _____	
plemeno: _____	barva srsti: _____	
plemenné číslo: _____	číslo tetování: _____	
číslo mikročipu: _____	označení vzorku: _____	
Zvíře č.2 (MUSÍ BÝT VYPLNĚNO, prosíme hůlkovým písmem)		
<input type="checkbox"/> Pes		
vzorek: <input type="checkbox"/> 0,5ml EDTA plná krev <input type="checkbox"/> stěr <input type="checkbox"/> testovací FTA karta	pohlaví: <input type="checkbox"/> ♀ <input type="checkbox"/> ♂	
jméno: _____	datum narození: _____	
plemeno: _____	barva srsti: _____	
plemenné číslo: _____	číslo tetování: _____	
číslo mikročipu: _____	označení vzorku: _____	
Zvíře č.3 (MUSÍ BÝT VYPLNĚNO, prosíme hůlkovým písmem)		
<input type="checkbox"/> Pes		
vzorek: <input type="checkbox"/> 0,5ml EDTA plná krev <input type="checkbox"/> stěr <input type="checkbox"/> testovací FTA karta	pohlaví: <input type="checkbox"/> ♀ <input type="checkbox"/> ♂	
jméno: _____	datum narození: _____	
plemeno: _____	barva srsti: _____	
plemenné číslo: _____	číslo tetování: _____	
číslo mikročipu: _____	označení vzorku: _____	
Platební karta <input type="checkbox"/> Visa <input type="checkbox"/> Mastercard		
celková částka: _____	číslo faktury: _____	
číslo kreditní karty: _____	datum expirace: _____	
držitel karty: _____	podpis držitele karty: _____	
Pro platbu kreditní kartou fakturujeme navíc 122,- Kč.		
Upozornění: Genetické testy pro koně a kočky naleznete na samostatných laboratorních žádankách.		
		

Pes

Dědičná onemocnění (Materiál: 0,5-1ml EDTA-krve nebo 2x bukalní stěr)

Zvýhodněné genetické balíčky naleznete na straně 4.

- 8120 Anomálie oka kolii *(CEA) OPTIGEN**
(australský ovčák, border kolie, dlouhosrstá a krátkosrstá kolie, dlouhosrstý vípět, Hokkaido, Lancashire Heeler, Nova Scotia Duck Tolling retriever, šeltie)
- 8073 Centronukleární myopatie (CNM)**
(labradorský retriever, německá doga)
- 8075 Ceroidní lipofuscinóza (NCL)**
(americký bulldog, americký stafordširský teriér, australský ovčák, border kolie, jezevčík, anglický setr, tibetský teriér)
- 8008 Cyklická neutropenie kolii**
(kolie)
- 8013 Cystinurie**
(australský honácký pes, Newfoundland, Landseer, labrador)
- 8012 Deficience adheze leukocytů (CLAD)**
(irský setr a příbuzná plemena)
- 8151 Deficience faktoru VII**
(Alredale teriér, Alaskan Klee Kai, bigl, skotský jeleni pes, velký knírač)
- 8017 Deficience fosfofruktokinázy (PFKD)**
(americký kokršpaněl, anglický springšpaněl, německý křepelák)
- 8104 Deficience pyruvátdehydrogenázylfosfatázy-1 (PDP1)**
(clumberšpaněl, sussexšpaněl)
- 8015 Deficience pyruvátkinázy (PK)**
(basenji, bigl, labrador, mops a WHWT)
- 8158 Degenerativní myelopatie (DM)**
(všechna plemena)
- 8142 Dwarfismus/Trpasličí vzrůst**
(beskoslovenský víťák, německý ovčák, saroský víťák)
- 8131 Familiární nefropatie (FN)***
(anglický kokršpaněl)
- 8102 Familiární nefropatie (FN)**
(anglický springšpaněl, samojed)
- 8016 Fukosidóza**
(anglický springšpaněl)
- 8066 Gangliosidóza (GM1)**
(husky, portugalský vodní pes, Shiba Inu)
- 8007 Globoidní leukodystrofie (Krabbeho choroba)**
(Cairn teriér, irský setr, WHWT)
- 8513 Glykogen stříhající choroba (GSD II) (Pompeho choroba)**
(fínský lapphund, švédský lapphund, lapinporokoira)
- 8156 Glykogen stříhající choroba typu IIIa (GSD IIIa)**
(Curly coated retriever)
- 8232 Hemofilie A (deficience faktoru VIII)**
(havanský pesík)
- 8221 Hemofilie B (deficience faktoru IX)**
(modrý ridgeback)
- 8421 Hereditární nazální parakeratóza (HNPK)**
(labradorský retriever)
- 8179 Hereditární neuropatie (HN)**
(greyhound)
- 8191 Hyperekplexie**
(úlekové onemocnění, startle disease)
(irský vikodav)
- 8154 Hyperurikozurie (SLC)**
(všechna plemena)
- 8198 Junkční epidermolysis bullosa (JEB)**
(německý krátkosrstý ohař)
- 8459 Juvenilní epilepsie**
(Lagotto Romagnolo)
- 8434 Kongenitální hypothyreóza (CHG)**
(španělský vodní pes)
- 8022 Kongenitální myotonie**
(miniaturní knírač)
- 8011 Kongenitální noční slepota (CSNB)**
(briard)
- 8475 Syndrom Imlerslund-Gräsbeck (IGS)**
(bigl, border kolie)
- 8219 Krátkoocasost (Brachyurie)**
(přeměno dle Vašeho požadavku)
- 8125 L-2-hydroxyglutarová acidurie**
(staffordširský bulteriér)
- 8062 Maligní hypertermie (MH)**
(všechna plemena)
- 8002 MDR defekt (Přecitlivělost na ivermectin)***
(kolie, šeltie, australský ovčák, bobtail, dlouhosrstý vípět, border kolie, Eio, Silken Windhound, americký bílý ovčák, Walker, McNab, německý ovčák)
- 8069 Mukopolysacharidóza Typu VII (MPS)**
(brazilecký teriér, německý ovčák)
- 8068 Muskulární dystrofie (MD)**
(Kavallir King Charles španěl, zlatý retriever)
- 8411 Musladin-Lueke Syndrom (MLS)**
(bigl)
- 8220 Mutace myostatinu (Bully-gen)**
(vípět)
- 8067 Narkolepsie**
(dobrman, labradorský retriever)
- 8429 Nekrotická meningoencefalitida (PDE)**
(mops)
- 8457 Neonatální cerebelární abiotrofie (NCCD)**
(bigl)
- 8155 Neonatální encefalopatie (NEWS)**
(pudl velký)
- 8215 Osteogenesis imperfecta**
(Nemoc skleněných kostí)
(jezevčík krátkosrstý a hrubosrstý)
- 8470 Polyneuropatie (AMPN)**
(ajlášský malamut)
- 8452 Primární glaukom s otevřeným úhlem (POAG)**
(bigl)
- 8226 Primární luxace čočky (PLL)**
(americký eskymácký pes, čínský chocholatý pes, Jack Russell teriér, jagd teriér, Lancashire Heeler, miniaturní bulteriér, parson russell teriér, patterdale teriér, krysl teriér, Sealyham teriér, tibetský teriér, toy toxeteriér, italský volpino, vešše)
- 8456 Skoletální dysplazie (Dwarfismus)**
(labradorský retriever)
- 8406 Syndrom suchého oka a kudrnaté srsti (CCS)**
(Kavallir King Charles španěl)
- 8157 Hereditární katarakta (HSF4)**
(australský ovčák, waller)
- 8576 Hereditární katarakta (HSF4)***
(bostonský teriér, francouzský buldoček, staffordširský bulteriér)
- 8510 Multifokální retinopatie (CMR)* OPTIGEN**
(australský ovčák, Cane Corso, Colon de Tulear, Dogo Canario, japonský pes, mastif, pyrenejský horský pes)
- 8575 Multiple-system degenerace (CMSD)**
(čínský chocholatý pes, Kerry Blue Terrier)
- 8485 Degenerativní myelopatie Exon 1**
(Bernský salašnický pes)
- 8472 Digitální hyperkeratóza (DH)**
(irský teriér a Kromfohrlander)
- 8464 Ektodermální dysplazie / Syndrom křehké kůže (ED/SFS)**
(Chesapeake Bay retriever)
- 8443 Hypomyelinace/Syndrom třesoucího se štěněte (SPS)**
(Vymarský ohař)
- 8403 Pozdní forma ataxie (LOA)**
(Jack Russell teriér, Parson Russell teriér)

Naším cílem je umožnit 15% slevu členům chovatelského klubu, proto prosím přiložte potvrzení platného členství v chovatelském klubu ke každému podanému vzorku. Slevu není možné uplatnit pro testy prováděné partnerskou laboratoří.
Slevu nelze uplatnit zpětně.



Pes

Dědičná onemocnění (Materiál: 0,5-1ml EDTA-krve nebo 2x bukální stěr)

Zvýhodněné genetické balíčky naleznete na straně 4.

- | | |
|--|---|
| 8143 Syndrom uvězněných neutrofilů (TNS)
(bordercollie) | 8483 Primární ciliární dyskineze PCD
(Bobtail) |
| 8004 Toxikóza mědi (CT)
(bedlington teriér) | 8537 Spinocerebelární ataxie (SCA)
(Jack Russell teriér, Parson Russell teriér) |
| 8202 Záchvatovitě padání (EF)
(Kavalír King Charles španěl) | 8471 Subvalvulární aortální stenóza (SAS)
(novofundlandský pes) |
| 8152 Zátěží indukovaný kolaps (EIC)
(Bobtail, labrador, Curly Coated retriever, Chesapeake Bay retriever, německý drákosrstý ohař, Boykin španěl, pembroke velšskorgi) | 8486 Trombopatie
(Basset, Landseer) |
| 8476 Polycystické onemocnění ledvín (PKD)
(bulteriér) | 8492 Protein losing nefropatie (PLN)
(soft coated wheaten teriér) |

Progresivní retinální atrofie (Materiál: 0,5-1ml EDTA-krve nebo 2x bukální stěr)

- | | |
|--|--|
| 8574 Basenji PRA
(Basenji) | 8042 forma rcd 1-PRA
(irský setr, irský červenobílý setr) |
| 8135 forma crd-PRA
(hrubosrstý jezevčík) | 8042 forma rcd 1a-PRA
(Sloughi) |
| 8042 dominantní forma PRA
(anglický mastif, bullmastif) | 8153 forma rcd2-PRA* OPTIGEN
(kolie) |
| 8451 generalizovaná forma PRA
(holandský ovčácký pudl) | 8042 forma rcd 3-PRA
(velšskorgi) |
| 8200 GR PRA1
(zlatý retriever) | 8435 forma rcd 4-PRA
(australský hončák, anglický setr, irský setr, gordon setr, malý Münsterlandský ohař, polský nížinný ohař, tibetský teriér) |
| 8573 Pap PRA1
(Papillon, Phalène) | 8445 XL-PRA* Optigen
(Samojed, sibírský husky) |
| forma prcd-PRA (progresivní postižení tyčinek) | 8444 Typ A - PRA* OPTIGEN
(trpasličí jezevčík) |
| 8004 prováděný americkou laboratoří Optigen* | |
| 8127 prováděný partnerskou laboratoří* | |
| (americký a anglický kokršpaněl, eskymácká lajka, australský hončák, australský ovčák, Australian Stumpy Tail Cattle Dog, Chesapeake Bay retriever, čínský chocholatý pes, eňlebušský pes, finský laponský pes, zlatý retriever, čuvač, Lapponian Herder, labrador, Labradoodle, Nova Scotia Duck retriever, portugalský španěl, anglický kokršpaněl, švédský laponský pes, toy pudl, trpasličí pudl, yorkšírský teriér) | |

von Willebrandovy choroby (Materiál: 0,5-1ml EDTA-krve nebo 2x bukální stěr)

	Kč
8210 von Willebrandova choroba (vWD) (holandský španěl)	1246,-
8110 von Willebrandova choroba typu 1 (vWD1) (belský salašnický pes, Cotton du Tulear, doberman, Dre ntsche Paltsjehond, frizský ohař, Kerry blue teriér, labradoodle, manchesterský teriér, německý pinč, papillon, pembroke velšskorgi, pudl, slabyhound)	1662,-
8014 von Willebrandova choroba typu 2 (vWD2) (německý drákosrstý ohař, německý krátkosrstý ohař)	1246,-
8293 von Willebrandova choroba typu 3 (vWD3) (skotský teriér, šelie)	1662,-

Naším cílem je umožnit 15% slevu členům chovatelského klubu, proto prosím přiložte potvrzení platného členství v chovatelském klubu ke každému podanému vzorku. Slevu není možné uplatnit pro testy prováděné partnerskou laboratoří.

Slevu nelze uplatnit zpětně.



