

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra genetiky a šlechtění



**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

**Populační analýza plemene československý vlčák z
pohledu vývoje dysplazie kyčelního kloubu**

Diplomová práce

**Bc. Klára Hančová
Zájmové chovy zvířat**

Ing. Jakub Vašek, Ph.D.

© 2023 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou diplomovou práci „Populační analýza plemene československý vlčák z pohledu vývoje dysplazie kyčelního kloubu“ jsem vypracovala samostatně pod vedením vedoucího diplomové práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autorka uvedené diplomové práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušila autorská práva třetích osob.

V Praze dne 12.04.2023

Poděkování

Ráda bych touto cestou poděkovala Ing. Jakubu Vaškovi, Ph.D. za odborné rady, trpělivost, ochotu a za veškerý čas, který věnoval tomu, aby mohla tato práce vzniknout. Dále bych ráda poděkovala prof. Ing. Luboši Vostrému, Ph.D. a Ing. Petru Chajmovi, Ph.D. za konzultace při statistickém hodnocení výsledků. Poděkování patří také Ing. Daniele Čílové za odborné konzultace problematiky chovu. Zároveň bych ráda poděkovala Klubu chovatelů československého vlčáka ČR za poskytnutí výsledkových karet ke zpracování. V neposlední řadě děkuji celé své rodině, která mě podporovala po celou dobu mého studia.

Populační analýza plemene československý vlčák z pohledu vývoje dysplazie kyčelního kloubu

Souhrn

Plemeno československý vlčák vzniklo z experimentálního křížení německého ovčáka a vlka v druhé polovině 20. století v Československu. Stejně jako ostatní psí plemena, je toto plemeno zatíženo různými onemocněními jako např. degenerativní myelopatie (DM), dwarfismus a dysplazie kyčelního kloubu (DKK).

Dysplazie je polygenní onemocnění, které je determinováno geneticky a zároveň i vnějšími vlivy (např. výživou, zátěží). Jedná se o narušení kloubní hlavice či kloubní jamky, která má vliv na celkové utváření a správné fungování kyčelního kloubu. Toto onemocnění je hodnoceno stupni (A až E) dle závažnosti jeho projevu. Nejhorší stupeň hodnocení E je v některých případech (zvláště při projevu ve štěněčím věku) neslučitelný s běžným životem. Bez chirurgického zákroku nejsou jedinci schopni normální chůze, čímž dochází k nesprávnému vývoji všech končetin.

Analýzou dat získaných z výsledkových karet jednotlivých zvířat byl objeven trend, že ve sledovaném období narůstal počet jedinců s hodnocením A a zároveň se snižovaly počty hodnocení horších. Tento výsledek podporuje správnost kritérií nastavených klubem chovatelů za účelem eliminace vysokých stupňů DKK z populace.

Vzhledem k charakteru získaných dat bylo možné provést korelační analýzu mezi jednotlivými hodnocenými faktory, které společně tvoří celkové hodnocení daného jedince. Závislost mezi sledovanými faktory byla studována pomocí Spearmanovy a polychorické korelace, které jsou vhodné pro ordinální proměnné. Všechny korelace vyšly jako statisticky signifikantní na hladině $\alpha = 0,05$ s hodnotami od 0,22 do 0,93.

Pomocí lineárního modelu se smíšenými efekty (LMM) byl testován vliv věku při vyšetření a pohlaví na výslednou hodnotu DKK. Byly stanoveny 3 možnosti hodnocení DKK: indexové, stupňové a binární. Výsledný model neprokázal statisticky významný vliv pohlaví či věku vyšetření na celkovou hodnotu DKK. Ovšem je potřeba upozornit na povahu dat, ze kterých modelování vycházelo (73,76 % všech získaných výsledkových karet bylo s hodnocením A).

Klíčová slova: *Canis lupus familiaris*, československý vlčák, dysplazie kyčelního kloubu, populace, FCI

Problematics of hip dysplasia in the Czechoslovakian wolfdog from population point of view

Summary

The Czechoslovakian Wolfdog originates from breeding of the German Shepherd and wolf in the second half of 20th century. Similarly to other dog breeds, this breed is affected by various diseases such as degenerative myelopathy (DM), dwarfism and hip dysplasia (HD).

Dysplasia is a polygenic disease that is genetically determined as well as by external factors (e.g. nutrition, physical strain). This is a disruption of the joint head or joint socket that affects the overall formation and proper functioning of the hip joint. This disease is evaluated on a scale (A to E) according to the severity of its manifestation. The worst evaluation grade E is in some cases (especially when manifested in puppyhood) incompatible with regular life. Without surgical intervention those individuals are incapable of a normal walk, resulting in improper development of all limbs.

Data analysis of medical cards showed a trend with increasing number of individuals with an A grade and decreasing number of individuals with other grades during the monitored period. This result supports the appropriateness of the criteria set by the breeder's club to eliminate high grades of HD from the population.

Due to the nature of the data obtained, it was possible to perform correlation analysis between individual evaluated factors, which together form the overall evaluation of the individual. The correlation between the factors was studied using Spearman and polychoric correlation, which are suitable for ordinal variables. All correlations were statistically significant at the $\alpha = 0.05$ level with values ranging from 0.22 to 0.93.

Effects of age at examination and gender on the resulting grade of HD were tested using linear mixed model (LMM). Three options of evaluation of HD were determined: index, grades, and binary. The final model did not show a statistically significant effect of gender or age of the examination on the final HD result. However, the nature of data used for modeling should be noted (73,76 % of all results cards received were A-rated).

Keywords: *Canis lupus familiaris*, Czechoslovakian Wolfdog, hip dysplasia, population, FCI

Obsah

1	Úvod	8
2	Vědecká hypotéza a cíle práce	9
2.1	Hypotézy:	9
3	Pes domácí	10
3.1	Fylogeneze <i>Canis lupus familiaris</i>	10
4	Československý vlčák	12
4.1	Standard plemene	12
4.2	Historie vzniku plemene	13
4.3	Chov v České republice v roce 2023	14
4.4	Rozdělení chovných psů do skupin dle linie	15
4.5	Československý vlčák a jeho nemoci	15
4.6	Genetická variabilita a inbreeding	16
5	Dysplazie kyčelního kloubu	17
5.1	Charakteristika onemocnění	17
5.2	Dysplazie v chovu	18
5.3	Způsoby hodnocení	19
5.4	DKK a genetika	21
6	Metodika	22
6.1	Zdroje dat pro analýzu	22
6.2	Formátování datasetu	24
6.3	Exploratorní analýza dat (EDA)	24
6.4	Tvorba statistického modelu	25
7	Výsledky	27
7.1	Úpravy datového souboru	27
7.2	Exploratorní analýza dat (EDA)	28
7.2.1	Věk při pořizování RTG snímku	28
7.2.2	Hodnoty DKK v letech 2004 až 2019	28
7.2.3	Zhotovitel a vyhodnotitel snímku	31
7.3	Korelační analýza dat	33
7.3.1	Spearmanova korelace	33
7.3.2	Polychorická korelace	35
7.4	Statistický model	37
7.4.1	Trénovací dataset – DKK analyzována jako index	37
7.4.1.1	Testované modely v R	37

7.4.2	Trénovací dataset – DKK analyzovaná jako stupeň	40
7.4.2.1	Testované modely v R	40
7.4.3	Trénovací dataset – DKK analyzována jako binární	42
7.4.3.1	Testované modely v R	42
7.4.4	Souhrn statistického modelování	45
7.4.5	Testovací dataset – DKK analyzována jako stupeň	46
8	Diskuze	49
8.1	Analyzovaná populace československého vlčáka	49
8.2	Analýza výskytu DKK v letech 2004 až 2019	49
8.3	Vliv zhotovitele a vyhodnotitele snímku	50
8.4	Vztah sledovaných faktorů	51
8.5	Vliv pohlaví a věku na stupeň DKK	52
9	Závěr	53
10	Literatura	54
11	Seznam použitých zkratk a symbolů	60

1 Úvod

Vznik plemene československý vlčák (ČSV), jak již jeho jméno napovídá, se váže k bývalému Československu. Jednalo se o experimentální zkřížení vlčice karpatské a německého ovčáka za účelem vylepšení zdraví v chovu a s vidinou vzniku samostatně pracujícího psa u pohraniční strážce. Tvrdou selekcí na konkrétní znaky bylo docíleno chovu jedinců dle navrženého standardu, který byl následně schválen i komisí Mezinárodní kynologické federace (FCI - Fédération Cynologique Internationale). Od roku 1999 je československý vlčák uznáván jako oficiální mezinárodní psí plemeno.

Svým vzhledem i povahovými rysy připomíná vlka. Jedná se o silné vytrvalé plemeno, které se fixuje na jednoho majitele, zároveň je ale schopné samostatného myšlení a řešení situací. Jeho původní využití, pro které byl šlechtěn, již v dnešní době není potřebné, proto nově své uplatnění našel v různých psích sportech jako např. nosework, canicross nebo obrany. Vzhledem k rostoucímu počtu odchovaných jedinců se v populacích, stejně jako u dalších psích plemen, začala objevovat geneticky podmíněná onemocnění (např. degenerativní myelopatie) a na základě tělesné konstituce i onemocnění typická pro větší plemena (např. dysplazie kyčelního nebo loketního kloubu).

Cílem této práce je analyzovat populaci československého vlčáka z pohledu vývoje dysplazie kyčelního kloubu. Jedná se o multifaktoriální polygenní onemocnění, na jehož projev má z části vliv genetika a z části vnější faktory. Chovatelský klub se snaží toto onemocnění v populaci, v co největší možné míře, eliminovat stanovováním podmínek pro chovné jedince. Tyto podmínky ovšem nesmí být extrémně přísné, aby nedocházelo k výraznému snižování počtu chovných jedinců a byla zachována genetická variabilita v populaci.

2 Vědecká hypotéza a cíle práce

Cílem práce bylo analyzovat populaci plemene československého vlčáka z pohledu vývoje onemocnění dysplazie kyčelního kloubu.

2.1 Hypotézy:

- Existuje závislost mezi jednotlivými hodnotícími faktory.
- Existuje závislost mezi věkem jedince a výsledkem dysplazie kyčelního kloubu.
- Neexistuje závislost mezi výskytem dysplazie kyčelního kloubu a pohlavím jedince.

3 Pes domácí

Pes domácí (*Canis lupus familiaris*) patří do čeledi psovití (Canidae – rozšíření vybraných druhů na Obrázku 1), řádu šelmy (Carnivora) (Wayne & Vilà 2001; Ostrander & Wayne 2005). Čeď Canidae obsahuje 10 rodů, hlavní rod *Canis* obsahuje vlky (*Canis lupus*), kojoty (*Canis latrans*) a šakaly (*Canis aureus*) (Wayne & Ostrander 1999, 2007). Vztahy v rámci čeledi se určují pomocí molekulárních metod. Na základě porovnávání deoxyribonukleové kyseliny (DNA) bylo zjištěno, že psovití jsou unikátní a fylogeneticky velice brzo vyštěpená linie masožravců (Vilà et al. 1997; Wayne & Vilà 2001). K výrazné radiaci této čeledi došlo před cca 10-15 mil. lety.

Počet a struktura chromozomů se u různých druhů v rámci čeledi Canidae značně liší, od 36 metacentrických chromozomů (u lišky obecné) po 78 akrocentrických chromozomů (u vlků, kojotů a šakalů) (Wayne & Ostrander 1999; Wayne & Vilà 2001; Nash et al. 2001). Vzhledem ke stejnému počtu a struktuře chromozomů se mohou všichni zástupci rodu *Canis* mezi sebou křížit a vytvářet fertillní potomstva (Wayne & Ostrander 1999).



Obrázek 1 Geografické rozšíření vybraných Canidae; převzato z Wayne (1993)

3.1 Fylogeneze *Canis lupus familiaris*

Předpokládá se, že předchůdcem psa domácího je vlček obecný (Wayne & Ostrander 1999; Savolainen et al. 2002; Ding et al. 2012; Bergström et al. 2020) a jeho domestikace proběhla opakovaně nezávisle na sobě (Vilà et al. 1997; Wayne & Ostrander 1999; Savolainen et al. 2002; Wayne & Ostrander 2007). Dle molekulárních dat se první domestikace vlka odehrála před cca 16 000 lety (Skoglund et al. 2015) a podle mitochondriální DNA (mtDNA) se na ní podílelo minimálně 51 vlčích samic (Pang et al. 2009).

Genetická diverzita psů je ovlivněna jejich dynamickou historií, a proto nemůže být s jistotou určena lokalita jejich vzniku (Bergström et al. 2022). Zároveň během domestikace

docházelo ke zpětnému křížení psů s vlčími hybridy, což značně komplikuje možnost vypátrat jejich původ (Vilà et al. 1997; Wayne & Ostrander 1999). Výzkumu rovněž nepomáhá fakt, že psi pocházejí z vlčích populací, které již vymřely, a není tedy možné přímé porovnávání genetického materiálu (Skoglund et al. 2015; Bergström et al. 2022).

Na základě sekvencí kontrolních oblastí mtDNA přišel Vilà et al. (1997) s tvrzením, že původ psa je polyfyletický (z více předků vlčích populací) a zároveň během domestikace docházelo ke zpětným křížením s hybridy. Mitochondriální data dle Savolainen et al. (2002) umísťují vznik psa do východní Eurasie s datací přibližně před 15 000 lety, ovšem autor upozorňuje na fakt, že domestikace neproběhla pouze jednou. Hypotézu o původu amerických a eurasijských psů z jednoho předka vlka východního ze starého světa podporují data od Leonard et al. (2002), který uvádí, že pes se dostal do Ameriky přes Beringovu úžinu společně s člověkem.

Tato hypotéza však byla vyvrácena vonHoldt et al. (2010), která tvrdí, že hlavní zdroj genetické diverzity psů je jihozápadní Asie. Její studie je založena na porovnávání jednonukleotidových polymorfismů (SNP). Na základě sekvenace mtDNA předků dnešních psů navrhl Thalmann et al. (2013) Evropu jako místo původu některých psích plemen. Toto tvrzení zároveň opírá o archeologické nálezy.

Studie od Shannon et al. (2015) porovnává genetickou diverzitu asijských populací psů (lokálních společenstev) s čistokrevnými psy různých ras. Silné shody při porovnávání ukazují na dvě lokality původu psa domácího, a to konkrétně východní Asie a jihozápadní Asie. Výsledky této studie podporují původní názor, že ke vzniku psa došlo minimálně ve dvou různých lokalitách. Celogenomovou studii provedl Wang et al. (2016), při které pracoval s genomy od 58 různých psovitých šelem z celého světa včetně vzorků z jižní a severní části východní Asie, Afriky, Evropy, Středního východu, Sibíře a Ameriky. Populační genetická analýza zasadila původ psa domácího do východní Asie s datací vzniku asi před 33 000 lety. Poté, co se několik tisíc let vyvíjel ve východní Asii, se podskupina těchto psů dostala na Střední východ, do Afriky a také do Evropy. Jedna z těchto linií z Asie poté migrovala zpět do severní Číny a vytvořila hybridy s endemickými východoasijskými liniemi, než se vydala do Ameriky.

Botigué et al. (2017) poukazuje na fakt, že nikdy nebudeme schopni dohledat původní místo či místa vzniku psa. Pro přesné genetické analýzy nemáme žádné nebo dostatečné množství vzorků původních vlků, či předchůdců psa domácího z východní či jihozápadní Asie. Navíc fylogenetické analýzy psa komplikuje skutečnost, že žil po boku člověka.

V moderní době se vychází z teorií, které shrnul Bergström et al. (2022) ve svém článku. Teorie tvrdí, že předek psa z východní Eurasie přispěl téměř 100 % ke vzniku populací na Sibíři, v Americe, východní Asii a severovýchodní Evropě. Předek ze západní Eurasie přispěl ve 20-60 % ke vzniku afrických psů a psů na Blízkém východě a 5 – 25 % ke vzniku neolitických a později evropských psů. Dále existují dva scénáře o vzniku moderního psa. První poukazuje na nezávislou domestikaci předchůdců na východě a na západě Asie, kteří se mezi sebou později zkřížili na severozápadě území. Druhá poukazuje na jedinou domestikaci na východě Asie a následnému křížení se západními vlky v oblasti jihozápadní Eurasie. Oba dva scénáře jsou reálné. Výsledky zamítly hypotézu, že by původní předek psů vznikl na západě Eurasie a následně by se křížil s východními vlky.

4 Československý vlčák

4.1 Standard plemene

Plemeno československý vlčák vzniklo křížením vlka a německého ovčáka v 50. letech 20. století v bývalém Československu. Původní chovatelský záměr byl vyšlechtit psa k pohraniční strážní a do vojenské služby (Caniglia et al. 2018). Z toho pramení i specifické povahové rysy plemene a jeho potřeby. Jedná se o všestranné upotřebitelné plemeno, které je přizpůsobené pobytu venku. Československý vlčák a saarloosův vlčák jsou jediní zástupci vlčích hybridů, které uznává FCI jako psí plemeno (Moravčíková et al. 2021).



Obrázek 2 ARES Vlk z Východnej, zdroj: Nevolný (2017, str. 141)

Jedná se o středně velké plemeno, obdélníkového rámce (KCHČSV 2008). Stavbou těla, pohybem, osrstěním a barvou srsti připomíná vlka, což je vidět na Obrázku 2. Nejnižší kohoutková výška je u samců 65 cm u fen 60 cm. V pohybu se hlava a krk schylují do vodorovné polohy, přesouvá se mimochodem. Barva srsti stanovena standardem je žlutošedá až stříbrošedá s charakteristickou světlou maskou. Zimní a letní srst je značně rozdílná. V zimě převládá mohutná podsada, která s vrchní krycí srstí vytváří husté osrstění celého těla. Svou povahou je temperamentní, velmi aktivní, vytrvalý, učenlivý, neohrožený a odvážný. Svému pánu projevuje neobyčejnou věrnost.

4.2 Historie vzniku plemene

První myšlenka o „oživení“ chovu německých ovčáků o vlčí krev se zrodila v Československu na začátku 50. let 20. století (Nevolný 2017). Impulsem byl nelichotivý zdravotní stav chovu německých ovčáků, u kterých se začalo objevovat (v té době málo známé) onemocnění dysplazie kyčelních kloubů. Situace se na chvíli zlepšila po importu pracovních jedinců z Německé demokratické republiky. Ovšem jak již tomu bývá (dnešní doba není výjimkou) objevil se trend šlechtit zvířata s důrazem na exteriér, nikoli na pracovní upotřebení. Tento trend vedl k eliminaci povahově tvrdých, funkčně stavěných zvířat, a naopak začala v chovu převažovat zvířata bázlivá, s nefunkční kostrou (přeúhlení zadních končetin apod.). Tyto vlastnosti bránily plnému služebnímu využití odchovaných jedinců.

Na křížení vlků se psy byly dva názory. První tvrdil, že vlk svou plachou a neodhadnutelnou povahou přinese pouze nežádoucí vlastnosti, které zabrání výcviku jeho kříženců. Druhý názor tvrdil, že míšenci z první generace jsou upotřebitelní pro výcvik. Při zvažování kladů a záporů bylo uvedeno: *„Přínosem by bylo suché vazivo, pevný, rovný hřbet, prvotřídní vyrovnané úhlení, lehký vytrvalý klus, bez předbíhání zadních končetin před přední, a bez různých pohybových úchylek, kterými jsou naši ovčáci zatíženi. Dalo by se očekávat i zlepšení a zesílení chrupu a zlepšení kvality srsti ve směru upotřebitelnosti služebního psa. Kloním se k názoru, že při odborném výběru kvalitních jedinců a dobré výchově dosáhlo by se i kvalitních povah, a to především. Nedostatkem by však bylo slabé nebo slabší předhrudí i nežádoucí výška a světlejší oko.“* (Nevolný 2017, s. 32).

V roce 1955 bylo rozhodnuto, že v chovatelské stanici Pohraniční stráž se uskuteční biologický pokus křížení německého ovčáka a karpatské vlčice. Cílem pokusu bylo zjistit, jaké rozdíly budou mezi vlky, hybridy a psy (Hartl & Jedlička 1996). Vlčice byla nakryta v roce 1958 a 61. den březosti se narodilo prvních pět kříženců F1 generace. Již 5. týden věku štěňat bylo možné pozorovat jejich budoucí sociální postavení. F1 generace jsou typem i chováním vlci. Pouze ojediněle se našel jedinec, který by se v něčem částečně odlišoval – vlk je tedy fenotypově dominantnější než pes. Kříženci první ale i další generace jsou plodní a mohou se křížit jak s vlkem, tak se psem.



Obrázek 3 Druhé krytí karpatské vlčice Brity, zdroj: Nevolný (2017, str. 34)

Celkem měla karpatská vlčice Brita 2 vrhy (Nevolný 2017). Pro obě krytí byli vybráni různí samci německého ovčáka (druhé krytí zobrazuje Obrázek 3). Následně byli kříženci (označení svou generací: F1, F2, F3) vždy kryti jedincem plemene německý ovčák. Během experimentu se vždy dbalo na selekci. Pokud štěně nesplňovalo předem daná kritéria, bylo bez milosti utraceno. Jako důvody utracení jsou uvedeny: podkus, dlouhá srst, bázlivost atd. Zároveň se u početných vrhů nechávalo feně 6 max. 7 štěňat.

Křížení generací F3 a F4 je označované jako „Český vlčák“. Z tohoto prvního spojení (*1968) byl dále v chovu použit pouze jeden pes (zbytek štěňat bylo utraceno). První vrh československých vlčáků na Slovensku byl v roce 1966, kde došlo ke spojení F4 a F2 generace. Narodilo se 6 štěňat, z toho bylo ponecháno 5 jedinců. Aby nedocházelo k obrovskému inbreedingu, byla provedena ještě další 3 mezidruhová křížení vlka a psa. Celkem tedy došlo k 5 mezidruhovým křížením.

Klub chovatelů československého vlčáka byl založen v roce 1982. Byl stanoven standard plemene, který v roce 1989 schválila komise FCI. Následně byla v roce 1999 schválena žádost o uznání plemene FCI, což s sebou nese možnost mezinárodního chovu, zkoušek a výstav.

4.3 Chov v České republice v roce 2023

Aby mohl jedinec zasáhnout do chovu, je nutné splnit všechny podmínky chovnosti, které určuje klub chovatelů ČSV. Jedná se o následující body (KCHČSV 2008):

- jedinec musí mít vystavený platný průkaz původu FCI (a uvedené minimálně 3 úplné generace)
- dodržení určené věkové hranice – feny jsou chovné od 18 měsíců do 8 let (lze uplatnit výjimka), psi jsou chovní od 18 měsíců do úmrtí
- musí absolvovat bonitaci s hodnocením: chovný jedinec
- absolvovat po 15 měsících věku vyšetření DKK s hodnocením A, B nebo C – jedinec s horším hodnocením není do chovu připuštěn
- absolvovat po 15 měsících věků vyšetření DLK s hodnocením 0 – jedinec s horším hodnocením není do chovu připuštěn
- stanovení DNA profilu
- doložení genetických testů degenerativní myelopatie a dwarfismus (DW) – recesivní homozygoti nejsou do chovu připuštěni

Bonitace se můžou zúčastnit jedinci starší 18 měsíců. Skládá se celkem ze tří částí: hodnocení exteriéru, povahový test, reakce na výstřel. Během hodnocení exteriéru probíhá měření, kdy může být jedinec opatřen náhubkem, aby nedošlo k pokousání komise. Dále je hodnocena celková tělesná stavba, barva oka, nasazení uší atd. Při povahovém testu se zkoumá reakce na různé podněty, např. cizí člověk v blízkosti, fňgovaný útok na majitele, útok na psa bez přítomnosti majitele atd. Reakce na výstřel se testuje na závěr bonitace, kdy je pes uvázan u kůlu bez přítomnosti majitele.

Pokud pes/fena splňuje výše uvedené body a zvládne úspěšně projít bonitací, dojde k přeregistraci jedince a jedinec může být použit v chovu.

4.4 Rozdělení chovných psů do skupin dle linie

Rozdělení skupin není neměnné, v minulosti bylo a i do budoucna může být přizpůsobeno aktuálnímu stavu populace plemene s ohledem na další záměry chovu (KCHČSV 2008).

- Skupina 1
 - psi nesoucí v otcovské linii krev Repa z Pohraniční stráže přes Gara z Rosíkova
- Skupina 2
 - psi nesoucí v otcovské linii krev Repa z Pohraniční stráže, v jejichž rodokmenech jsou dále vedeni Cézar od Pavlišina, Káj z Rosíkova
- Skupina 3
 - Binc a Candiff Pohostinstvo (Rep z Pohraniční stráže x Gyra z Pohraniční stráže)
- Skupina 4
 - Rep z Pohraniční stráže, v rodokmenech vedena krev Astora Mořovský dvor (syn Nuka z Pohraniční stráže). Krev Astora Mořovský dvor je u psů v této skupině vedena jednak v genealogické linii, ale patří sem také psi, kde je jeho krev vedena i přes jeho dcery - nicméně ani potomci přes dcery ho jak fenotypem, tak povahovými vlohami nezapřou.
- Skupina 5
 - Bak a Barry z Doušova dvora (Eramis Vopa)
- Skupina 6
 - Amur z Ďáblova kaňonu
- Skupina 7
 - původně linie Kazana z Pohraniční stráže, v genealogické linii se však potomstvo po Kazanovi nezachovalo, jeho krev je vedena pouze přes jeho dcery. Původními představiteli této skupiny jsou pouze Amarok Šedý chlup a Akeenah Runar Waawanyanka. Do této skupiny byli dále přeřazeni psi z jiných (existenčně neohrožených) skupin, kteří alespoň v omezené míře nesou krev Kazana přes jeho dcery. I tyto psi však nesou znaky po Kazanovi přes matky v generaci předků otce Induka i Olivera Passo del Lupo – Mikyho Passo del Lupo, kde byla dříve vedena příbuzenská plemenitba na sourozence Dik a Dita Břevnovská stopa, potomky Besi Zepeř (dcera Ariela Lobos, vnuka Kazana z Pohraniční stráže).
- Skupina 8
 - nově založená skupina nesoucí krev Ajaxe a Alana Břevnovská stopa.

4.5 Československý vlčák a jeho nemoci

Stejně jako každé psí plemeno i československý vlčák trpí různými druhy onemocnění. Geneticky podmíněná onemocnění jsou např.: degenerativní myelopatie, dwarfismus u psů, maligní hypertermie. Vzhledem k velikosti plemene se i zde vyskytují onemocnění postihujících pohybový aparát: dysplazie kyčelního kloubu, dysplazie loketního kloubu (DLK) a osteochondróza ramenního kloubu (OCD). Pro uchovnění je nutné absolvovat vyšetření kyčelního a loketního kloubu. Vyšetření OCD je dobrovolné.

Do roku 2018 bylo možné vyhotovit rentgenové (RTG) snímky kyčlí, loktů i ramen na kterékoli klinice a následně je zaslat posuzovateli k vyhodnocení. Od roku 2018 musí snímky

vyhotovit akreditovaný veterinář, který je schválený KCHČVS (viz Tabulka 1). Není možné jedince zrentgenovat na jiném pracovišti a snímky zaslat k hodnocení.

Tabulka 1 Seznam akreditovaných veterinářů (KCHČSV 2008)

MVDr. Milan Decker	MVDr. Radek Musil	MVDr. Milan Snášil, CSc.
MVDr. Stanislav Doškář	MVDr. Jindřich Nešpor	MVDr. Libor Vlček
MVDr. Lukáš Duchek	MVDr. Jan Nytra	MVDr. Jiří Vomáčka
MVDr. Andrzej Iwanuszek	MVDr. Michal Pavlík	
MVDr. Jiří Jahoda	MVDr. Vítězslav Raška	

4.6 Genetická variabilita a inbreeding

Vznik nového druhu či plemene s sebou nese i řadu problémů. U zrodu je vždy omezený počet zakladatelů, což vede ke snížení genetické variability a k vysoké úrovni příbuzenské plemenitby – inbreedingu, který vede k inbrední depresi (Caniglia et al. 2018). Příbuzenská plemenitba je ale nezbytná pro fixaci požadovaných znaků v populaci. Studie od Moravčíková et al. (2021) potvrzuje inbrední zásah do genomu na základě pozorování dlouhých segmentů DNA s nepřerušnými úseky lokusů, které jsou homozygotní (ROH – runs of homozygosity), jejichž délkou můžeme sledovat ontogenezi. Na rozdíl od ČSV je u vlků ve volné přírodě absence dlouhých segmentů ROH, jelikož u nich dochází k nepříbuzenské plemenitbě. Zároveň jejich výsledky ukázaly, že československý vlček je nositelem odlišných alelických kombinací, které se nenacházejí ani u vlků, ani u jiných plemen psů analyzovaných ve studii.

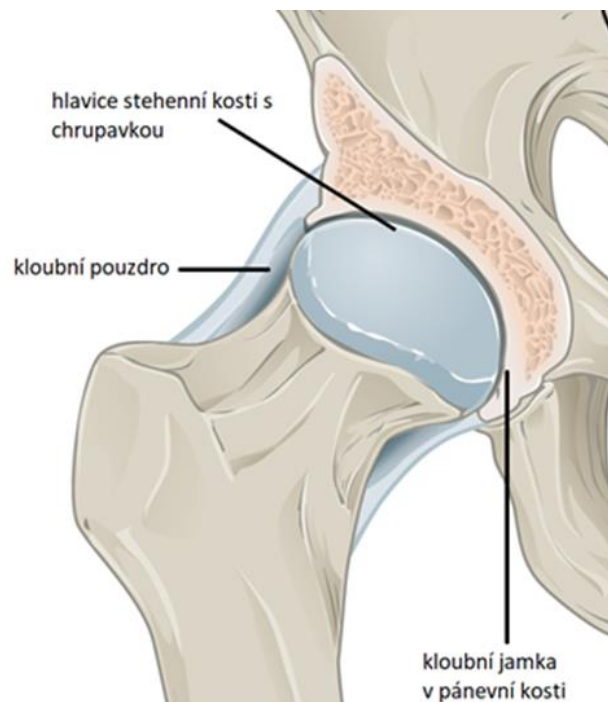
Genetická diverzita je nezbytná pro adaptační schopnosti a poskytuje organismům potenciál úspěšně reagovat na vnitřní a vnější podněty (Ujvari et al. 2018). V populacích byla prokázána jasná vzájemná souvislost mezi genetickou diverzitou a rezistencí vůči parazitům a patogenům. V poslední době se výrazně zkoumá dopad ztráty genetické diverzity např. inbreedingem na vznik a progresi nepřenositelných chorob, jako je rakovina (Thomsen et al. 2016). Rakovina je vícefaktorové onemocnění a ztráta genetické diverzity může přímo (prostřednictvím akumulace onkogenních homozygotních mutací) a nepřímo (prostřednictvím zvýšené náchylnosti k onkogenním patogenům) ovlivnit proliferaci buněk (Ujvari et al. 2018).

Inbrední deprese je definována jako snížení fitness inbredních jedinců oproti jedincům z nepříbuzného spojení (Vega-Trejo et al. 2022). Fenomén inbrední deprese byl zdokumentován již v 19. století Charlesem Darwinem, který studoval 57 rostlinných druhů a pozoroval, že potomstvo rostlin vzniklých samooplozením bylo kratší, vážilo méně, kvetlo později a produkovalo méně semen než potomstvo nepříbuzných rostlin (Doekes et al. 2021). Snížení fitness je způsobené rozmnožováním jedinců s podobným či stejným genotypem (Curik et al. 2020). Tímto křížením dochází k fixaci konkrétních alel a zároveň k vymizení genové variability v populacích. Studie (Gutiérrez-Reinoso et al. 2020) provedená na kravách dokázala vliv inbrední deprese na produkci mléka, obsahu bílkovin v mléce, indexu plodnosti a ovlivnění plodnosti svých dcer.

5 Dysplazie kyčelního kloubu

5.1 Charakteristika onemocnění

Dysplazie kyčelního kloubu je multifaktoriální onemocnění, které je determinováno geneticky a vnějšími (environmentálními a biochemickými) vlivy (Stanin et al. 2011b; King 2017; Pascual-Garrido et al. 2018; Ács et al. 2020). Jedná se o polygenní vývojovou poruchu charakterizovanou laxitou, degenerací a osteoartritidou kyčelního kloubu (Lopez & Schachner 2015), která je spojována s více než 15 různými geny (Pascual-Garrido et al. 2018).

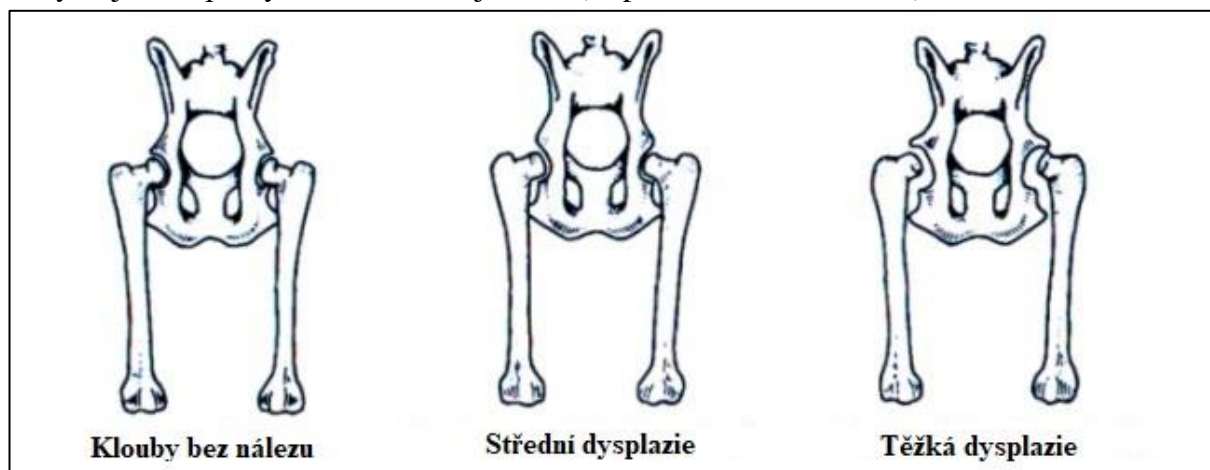


Obrázek 4 Anatomická stavba kyčelního kloubu, zdroj: Canina (2023)

Kyčelní kloub psa vykazuje pozoruhodnou strukturní podobnost s lidským (Pascual-Garrido et al. 2018). Obrázek 4 ukazuje anatomickou stavbu kloubu, který se skládá ze zaoblené hlavice stehenní kosti, která zapadá do acetabula neboli jamky kyčelního kloubu (Wood et al. 2002). Mezi primární anatomické stabilizátory kyčelního kloubu patří ligamentum hlavice femuru, kloubní pouzdro a dorzální acetabulární lem (King 2017). Silný stabilizační účinek také poskytuje synoviální tekutina v kombinaci s kloubním pouzdem. Všichni psi se rodí se zdravě utvořenými kyčlemi, následně s vývinem jedince se predisponovaní k DKK stávají dysplastickými a vykazují narušenost kloubů (Ginja et al. 2015; King 2017).

Přesná příčina dysplazie zůstává neznámá (King 2017), přesto mezi nejčastější vysvětlení narušení kyčelního kloubu patří nesprávná či opožděná endochondrální osifikace (Lopez & Schachner 2015), což vede k narušení jamky kyčelního kloubu (Obrázek 5), zploštění hlavice stehenní kosti a následně k osteoartróze (King 2017). Ovšem toto onemocnění nemusí být způsobeno pouze změnami na kosti, ale může na něj mít vliv i laxita kloubů během vývoje – tzn. svaly v okolí kloubu nejsou schopné udržet hlavici v dobrém postavení a dochází k narušení

pouzdra (Pascual-Garrido et al. 2018). Změny na kloubu jsou spojované také s vnějšími faktory, kterými jsou např. výživa či aktivita jedince (Lopez & Schachner 2015).



Obrázek 5 Grafické porovnání správně utvářeného kloubu a kloubů různého stupně narušení, zdroj: MVS (2015)

Dysplazie se vyšetřuje pomocí rentgenu nejčastěji při celkové sedaci (Ginja et al. 2015; Ács et al. 2020) a je hodnocena různými stupni (Stanin et al. 2011). Nejčastěji je toto onemocnění spojováno se psy velkých a rychle rostoucích plemen, jako jsou např. bernardýni a zlatí retrívři (King 2017; Pascual-Garrido et al. 2018). K projevům DKK patří kulhání a bolestivost kyčlí, často doprovázené artritidou (Peterson 2017). Tyto příznaky mohou působit na psychiku psa a často dochází ke změně osobnosti (zvýšený práh citlivosti, agrese, podrážděnost).

5.2 Dysplazie v chovu

Jak již bylo zmíněno výše, dysplazie je polygenní onemocnění, což je i důvodem, proč je postup eliminace z chovu tak pomalý. Dle Stanin et al. (2011) by správně vedenou selekcí mělo dojít k vymizení onemocnění z populací. Toto tvrzení potvrzuje i studie od Baldinger et al. (2020), který měl k dispozici rentgenové snímky od 10 různých plemen z let 1997-2017. Jeho výsledky podpořily názor, že selekce založená na fenotypu může vést ke snížení počtu nemocných jedinců. Ács et al. (2020) tvrdí, že je velmi obtížné eliminovat tuto chorobu z populace. Jako jednu z možností navrhuje inbreeding zdravých jedinců, kterým by v populaci vznikli převážně homozygoti. Toto řešení by mělo mít pozitivní účinek v rámci DKK, ale hrozí výrazná inbrední deprese.

Je potřeba si uvědomit, že jakýkoli zásah do chovu a snaha regulovat výskyt dysplazie zakládající se na hodnocení rentgenového snímku, je selekce na základě fenotypu (Babá et al. 2019). Studie od Zhang et al. (2020) naznačuje, že rentgenový snímek kyčelního kloubu neposkytuje informace o genetickém potenciálu psa, jelikož na fenotyp má vliv i vnější prostředí. Tímto druhem selekce může dojít k eliminaci alel, které zajišťují zdravou strukturu kloubu.

Dědivost DKK je odhadnuta mezi 0,1 a 0,6, přičemž většina hodnot je menších než 0,5 (King 2017), ovšem všechny pokusy o výpočty dědivosti jsou zkreslené, protože chovatelé často postižené jedince oficiálně nevyšetřují a výsledky nezveřejňují (Pascual-Garrido et al. 2018).

Wood et al. (2002) studovali dědičnost dysplazie u labradorského retrievra. Použili údaje od 13 382 labradorských retrievrů zahrnujících 718 vrhů a stanovili hodnotu dědivosti dysplazie kyčelního kloubu 0,34 od dvou rodičů, 0,41 pouze od otce a 0,30 pouze od matky. Při dědičnosti jsou zdravotní výsledky obou rodičů významné pro tři hlavní komponenty: Norbergův úhel (NA), kraniální acetabulární okraj a subluxace. U ostatních složek byla dědičnost signifikantní od otce, ale ne od matky.

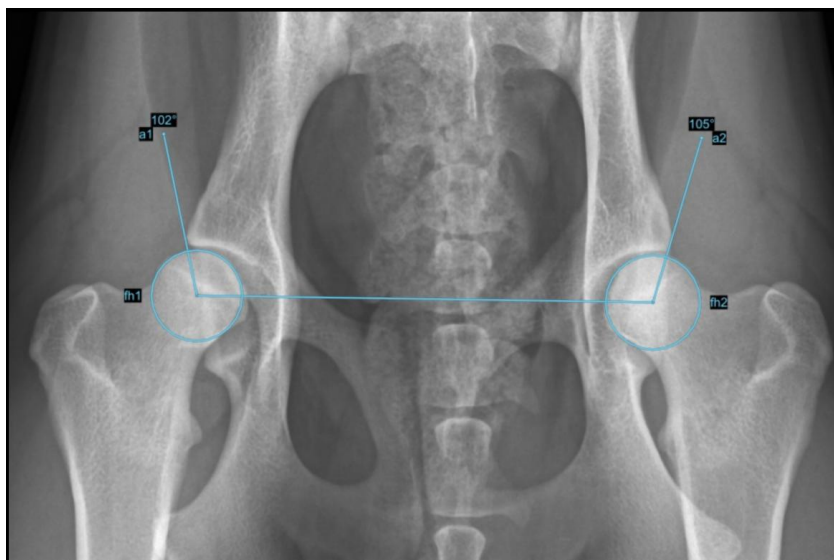
5.3 Způsoby hodnocení

Se zavedením povinného rentgenového vyšetření konkrétních plemen a přísnou selekcí založenou na výsledcích (vše pod dohledem chovatelských klubů), se snižuje počet nemocných jedinců v chovech (Zhang et al. 2009). V současné době je hodnocení výsledků i přes veškerou snahu o objektivitu spíše subjektivní (Lopez & Schachner 2015), což je způsobeno větším množstvím organizací, které hodnotí stavbu a funkčnost kloubu dle svého postupu, jenž není jednotně nastavený. Tyto organizace jsou: The Orthopedic Foundation for Animals (OFA), Federation Cynologique Internationale (FCI), British Veterinary Association/Kennel Club (BVA/KC), Pennsylvania Hip Improvement Program (PennHIP) a Dorsolateral Subluxation Score (DLS) (Verhoeven et al. 2012).



Obrázek 6 Porovnání dvou rentgenových snímků, zdroj: Ruský pes.cz (2023)

V České republice je nejčastěji využívané hodnocení dle FCI. Rentgenový snímek (Obrázek 6) je pořizován veterinářem a vyhodnocen dle daných požadavků (Verhoeven et al. 2012). Výsledek je kombinace subjektivního standardního radiografického vyhodnocení kyčle s měřením NA. Výpočet Norbergova úhlu je znázorněn na Obrázku 7. Mezinárodně se stupně hodnocení popisují písmenem A-E. A značí nejlepší možné hodnocení, kdy je jedinec prostý dysplazie, B je hraniční nález, C-E je poté pozitivní nález hodnocený dle závažnosti. Stock et al. (2011) ve své studii poukazuje na fakt, že hodnocení B je geneticky podobné hodnocení C-E (tudíž prokázanému onemocnění). Při dalším genetickém výzkumu by hodnocení A mělo stát samostatně a stupeň B by se měl řadit ke zbylým kategoriím.



Obrázek 7 Znárodnění a výpočet Norbergova úhlu, zdroj: Super Veterinary (2018)

OFA používá rentgenová kritéria, která se zaměřují na konformaci kyčelního kloubu (známky inkongruence nebo degenerativního onemocnění kloubu) a laxitu kyčelního kloubu (Verhoeven et al. 2012). Bodovací systém nepoužívá měření NA. V Británii, Irsku a Austrálii se často používá BVA/KC systém, který je založený na číselném hodnocení 9 faktorů, jejichž výsledkem je součet všech hodnot faktorů pro každý kloub zvlášť. Čím vyšší součet, tím horší výsledek, přičemž nejvyšší možná hodnota jedné končetiny je 53. Tabulka 2 zobrazuje různé interpretace hodnocení DKK.

Tabulka 2 Srovnání hodnocení různých organizací či států, převzato z Verhoeven et al. (2012)

	FCI	Německo	Nizozemsko	Švýcarsko	BVA/KC	OFA		
Bez nálezu	A	NA > 105°	A1	Negative optimal forma	Free	0-4 (no > 3/hip)	Excellent	
			A2	Normal	Negative not entirely perfect		5-10 (no > 6/hip)	Good
Hraniční nález	B	NA ≤ 105°	B1	Transitional	I	11-18	Fair	
			B2	Almost normal			19-25	Borderline
Lehká displazie	C	NA 100°	C1 C2	Still acceptable	Mild positive		26-35	Mild
Střední dysplazie	D	NA > 90°	D1 D2	Moderate	Positive	II	36-50	Moderate
			E1 E2	Severe	Positive Positive optima forma	III IV	51-106	Severe

5.4 DKK a genetika

Oblast na chromozomu, která obsahuje gen nebo skupinu genů a ovlivňují fenotypovou expresi kvantitativního znaku (např. DKK), se označuje jako lokusy kvantitativního znaku (QTL - quantitative trait locus) (Zhu et al. 2009). Na chromozomech u psa domácího bylo identifikováno několik QTL. Studie od Marschall & Distl (2007) uvádí 9 autozomálních chromozomů obsahující důležité QTL, zatímco Todhunter et al. (2005) uvádí 12 chromozomů. Obě studie se z celkových 39 autozomálních chromozomů shodnou na výskytu QTL na chromozomech č. 4, 9 a 16.

Výzkumy ukazují, že alespoň 1 QTL na každém z několika autozomálních chromozomů psa ovlivňuje správnost vývinu kyčelního kloubu (Phavaphutanon et al. 2009). Vzhledem k polygennímu charakteru onemocnění je pro jeho pochopení nezbytné identifikovat všechny geny, které jsou za projevy zodpovědné, ať už menším či středním účinkem (King 2017). Příkladem může být studie Friedenberga et al. (2011), kde byl identifikován haplotyp fibrilárního genu 2 (FBN2) na psím chromozomu 11 spojený s DKK. Psi s delečním haplotypem vykazovali významně horší výsledky rentgenového vyšetření. Fibrilín 2 (FBN2) kóduje složku extracelulární matrix, která je přítomna v kloubním pouzdru a kloubní chrupavce.

Dysplazie se ovšem neobjevuje pouze u kvadrupedálních živočichů. Byla provedena studie u člověka (*Homo sapiens sapiens*), kde Feldman et al. (2013) získal DNA od 72 členů jedné rodiny ze čtyř generací, která je zatížená dysplazií. Porovnáváním bylo zjištěno, že u všech postižených jedinců byla nalezena mutace v transmembránové doméně CX3CR1 (fraktalkinový receptor). Tento receptor zprostředkovává buněčné adhezivní a migrační funkce a je známo, že je exprimován v mezenchymálních kmenových buňkách, které se mají stát chondrocyty. U obyvatel jižní Afriky byla objevena beukes dysplazie kloubů (Watson et al. 2015). Pomocí sekvenací postižených jedinců byla nalezena mutace u protein kódujícího genu UFSP2 (UFM1 specifická peptidáza 2), která je s tímto onemocněním spojována.

Objevují se snahy vytvořit genetické testy, které by byly schopné předpovědět predispozice pro vznik dysplazie kyčelního kloubu. Tyto testy by poté mohly pomoci chovatelským klubům sestavovat chovné páry s minimální pravděpodobností výskytu dysplazie ve vrhu. Bartolomé et al. (2015) navrhl model testu pro labradorské retrievry, který obsahuje 7 SNP. Následně byl tento model aplikován na labradorské retrievry v Dánsku, kde Bruun et al. (2020) jeho správnost vyvrátili. Jako možné vysvětlení tohoto výsledku byl jiný genotyp labradorů v Dánsku, oproti genotypu použitému při sestavování testu.

6 Metodika

6.1 Zdroje dat pro analýzu

Klubem chovatelů ČSV byly poskytnuty dva druhy výsledkových dokumentů, které obsahovaly data pro analýzu DKK. Tyto údaje existují pouze v papírové podobě, a proto bylo nutné je převést do elektronické podoby. Výsledkové dokumenty jsou tvořeny potvrzením o RTG vyšetření (Obrázek 8) a výsledkovou kartou (Obrázek 9). Získané výsledkové karty z let 2004 až 2019 obsahují identifikační údaje jedince, vyhodnocení jednotlivých faktorů a následně celkové hodnocení kloubu – zvlášť pro pravou a levou zadní končetinu. Dokumenty potvrzující RTG vyšetření poskytly informace o zhotoviteli a vyhodnocovateli rentgenového snímku.

POTVRZENÍ O RTG VYŠETŘENÍ NA DYSPLAZII KYČELNÍCH KLOUBŮ		CERTIFICATE OF RADIOLOGICAL HIP DYSPLASIA EXAMINATION			
Pes / Dog Plemeno / Breed:					
Pohlaví / Sex:	Datum narození / Date of birth:				
Jméno a chovatelská stanice / Name and breed station:					
Plemenná kniha / Studbook:		Číslo zápisu / Registration nr.:			
Tetovací číslo / čip / Tattoo / chip nr.:		Barva / Color:			
Majitel / Owner Jméno / Name:					
Adresa / Address:, E-mail:					
Vyšetření / Examination Rentgenové snímky zhotoveny dne / X-Rays made on:					
Jméno veterinárního lékaře-zhotovitele rtg snímku/Name of veterinary surgeon submitting radiograph:					
Adresa / Address:					
E-mail:					
Potvrzují, že rentgenogram kyčelních kloubů psa označeného výše uvedenými identifikačními znaky zhotovený dne je v souladu s předpisy pro posuzování dysplazie kyčelních kloubů.					
<i>I certify that the radiograph relating to the dog identified above was taken on the following date and in conformity with the provisions of the Hip Dysplasia Scheme Procedure Notes.</i>					
Podpis a razítko veterinárního lékaře <i>Veterinary Surgeon's Signature and stamp:</i>		Podpis majitele <i>Owner's Signature:</i>			
Vyhodnocení RTG snímku / Classification of radiographic evaluation (Zakroužkujte příslušnou možnost / Circle the relevant)					
FCI	negativní <i>no signs of HD</i>	hraniční <i>borderline</i>	lehký <i>mild</i>	střední <i>moderate</i>	těžký <i>severe</i>
Levá / Left	A	B	C	D	E
Pravá / Right	A	B	C	D	E
Klasifikace / Classification A = Bez příznaků dysplazie kyčelního kloubu / No signs of Hip Dysplasia B = Téměř normální kyčelní kloub / Near normal hip joints C = Lehká dysplazie kyčelního kloubu / Mild Hip Dysplasia D = Střední dysplazie kyčelního kloubu / Moderate Hip Dysplasia E = Těžká dysplazie kyčelního kloubu / Severe Hip Dysplasia					
Tímto potvrzují, že stupeň hodnocení dysplazie kyčelních kloubů na základě posouzení rentgenogramu psa označeného výše uvedenými identifikačními znaky odpovídá klasifikačnímu schématu FCI.					
<i>I hereby certify that the score of the radiograph submitted for the dog identified above was produced using the scoring criteria of the FCI protocol.</i>					
Vyhodnocení bylo provedeno dne / The evaluation was made on:					
Ev. č. snímku / X-Ray nr.: Kým / By:					
E-mail:					
Podpis a razítko / Signature and stamp:					
<small>Proti výsledku posouzení se můžete odvolat do 30 dní od doručení nálezu k předsedovi odvolací komise Klubu posuzovatelů dědičných ortopedických vad psů Komory veterinárních lékařů České republiky na adresu: Prof. MVDr. Alois Nečas, Ph.D., Veterinární a farmaceutická univerzita Brno, Palackého 1 – 3, 612 42 Brno.</small>					

Obrázek 8 Jednotný vzor o potvrzení RTG vyšetření DKK dle ČMKU, zdroj: ČMKU (2023)

Všichni jedinci byli hodnoceni individuálně na základě rentgenového snímku. Dle tohoto snímku proběhla klasifikace šesti vybraných faktorů (Norbergův úhel, FHC/DAE s JS, CAE, CSAB, Hlavice a krček a Morganova linie) pro každou končetinu. Norbergův úhel je úhel, který svírá hlavice femuru a acetabulum. Pozice FHC/DAE s posouzením JS znamená posouzení pozice středu hlavice femuru k dorzálnímu okraji acetabula s posouzením kloubního rozsahu. CEA hodnotí kraniolaterální okraj acetabula. CSAB popisuje utváření kraniálního subchondrálního acetabula. Hlavice a krček popisuje stavbu hlavice femuru. Morganova linie hodnotí vápenatění úponu kloubního pouzdra na krčku stehenní kosti.

Následně byl každému hodnocenému faktoru přiřazen index, který má číselnou hodnotu od 0 do 5. Výsledná hodnota DKK je určena číselným součtem indexů dané končetiny. Indexový klíč pro vyhodnocení stupně DKK je pevně daný: 0-2 stupeň A, 3-6 stupeň B, 7-12 stupeň C, 13-18 stupeň D a >18 stupeň E. Hodnocena je opět každá končetina zvlášť a výsledný zápis tedy může vypadat například takto: DKK: A/A. V Evropě však nyní převládá jednopísmenkový zápis dysplazie, který se řídí vždy horším výsledkem kdy např. jedinec A/C má celkové hodnocení C (Verhoeven et al. 2012).

KLUB CHOVATELŮ ČESKOSLOVENSKÉHO VLČÁKA, z. s.
Bukovany DR, 257 41 Bukovany

VYHODNOCENÍ DKK – PODROBNÉ POSOUZENÍ

Jméno psa a číslo chov. stanice: _____
Pohlaví: _____ Datum narození: _____ Číslo čip: _____

Kapitola číslo vyhodnocení – podrobného posouzení psa (bez uvážení osobních údajů majitele), zastíhá veterinární lékař písemně nebo e-mailem na adresu poradce chovu KCHČSV:

Norbergův úhel, kloub. štěrbině JS	Pozice FHC/DAE a posouzení JS	CAE	CSAB	Hlavice (H) Krček (K)	Morganova linie	Index
>= 105 L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	FHC mediálně od DAE (>2mm), JS kongruentní L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Paralelně s hlavici femuru L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Tenký pravidelný L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	H: kulatá hlávka N: dobře ohraňovací L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Nevzájemná L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	0
>= 105 a lehce rozšířený JS, nebo <105 a kongruentním JS L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	FHC mediálně od DAE (1-2 mm), JS je mírně až divergentní L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Horizontální v laterální rovině L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Pravidelný L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	H: kulatá N: dobře ohraňovací L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Některé L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	1
>= 100 L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	FHC je v super-impozici s DAE, JS je lehce divergentní L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Lehce zplácňá nebo střední excozity L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Lehce ztlučlý laterálně a ztenčující se mediálně L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	H: lehce zplácňá N: lehce excozity L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Tenký lineární výrůstek do 1mm L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	2
>= 90 L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	FHC laterálně od DAE (1-4mm), JS je středně divergentní L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Zplácňá, střední excozity, dvojité okraje L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Více ztlučlý laterálně, ztenčující se mediálně L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	H: středně zplácňá N: střední excozity L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Dobře rozvinutá linie do 3mm L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	3
>= 80 L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	FHC laterálně od DAE (5-10mm), JS velmi divergentní L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Velmi zplácňá, střední excozity L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Velmi ztlučlý laterálně, mediálně téměř neuzatčený L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	H: velmi zplácňá N: velké excozity L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Široká nepravidelná excozita > 3mm L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	4
< 80 L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	FHC laterálně od DAE (>10mm) nebo luxace L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	DAE chybí acetabulum je silně deformováno L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Nierozhodně diferencovat L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	H: hluboká deformace N: masivní excozity L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	Široká excozita v super impozici L <input type="checkbox"/> P <input type="checkbox"/>	5

Vývěškový JS - Joint space, FHC - Femoral Head Centre, DAE - Dorsal acetabular edge, CAE - Cranial acetabular edge, CSAB - Cranial Subchondral acetabular Bone, H - Head, N - Neck

Indexový klíč pro vyhodnocení stupně DKK:

Index	Stupeň DKK podle FCI
0-2	A 0 normální
3-6	B 1 širší
7-12	C 2 široký
13-18	D 3 středně široký
> 18	E 4 široký

Hodnocení DKK – levá:

Index: _____

Stupeň DKK: _____

Hodnocení DKK – pravá:

Index: _____

Stupeň DKK: _____

Výsledné hodnocení: DKK (/)

Vyhodnotil: _____ Dne: _____
 Zveřejnil: _____ ID: _____
 Razítko a podpis: _____

Obrázek 9 Vzor výsledkové karty pro hodnocení DKK dle KCHČSV, zdroj KCHČSV (2008).

Jednotlivé dokumenty byly zkontrolovány a následně zpracovány do excelovské tabulky, do které byly zaneseny tyto údaje: jméno psa včetně chovatelské stanice, pohlaví, datum

narození, faktory včetně jejich indexů pro každou končetinu zvlášť, celkový součet indexů, celkové hodnocení kyčle v číselné podobě, jméno zhotovitele snímku, jméno hodnotitele snímku a datum pořízení snímku. Dále byla tabulka doplněna o: číslo zápisu v plemenné knize Českomoravské kynologické unie (ČMKU), u samců o skupinu (plemennou linii) a čtyřgenerační rodokmen, který zahrnuje 30 předků. Uvedené údaje byly získány z on-line databáze Wolfdog Database (2023), která slouží jako databáze zástupců plemene a obsahuje jedince z různých zemí (nejedná se pouze o databázi českých odchovů). Během práce s informacemi byla dodržena pravidla obecného nařízení o ochraně osobních údajů (GDPR).

6.2 Formátování datasetu

Po vytvoření "hrubého" datasetu bylo nutné provést kontrolu chyb, jakými jsou například překlepy nebo chybějící či nesprávné údaje. Teprve poté bylo možné provést exploratorní analýzu dat (EDA), vlastní statistické modelování a grafickou vizualizaci výsledků.

Veškeré formátování a úpravy byly provedeny v programu R v4.2.2 (R Core Team 2022) pro který byly rovněž využity funkce z rozšiřujících balíčků (packages) jako je **dplyr** (Wickham et al. 2022a), **readr** (Wickham et al. 2022b) či **tidyr** (Wickham & Girlich 2022). Vyhledání a případné úpravy textových řetězců byly provedeny funkcemi z balíčku **stringr** (Wickham 2019) a pro nalezení překlepů u jmen zvířat byla vytvořena speciální distanční matice na základě Jaro-Winkler metriky (Jaro 1980; Winkler 1990) pomocí balíčku **stringdist** (Loo 2014). Samostatnou skupinu pro datovou analýzu tvořily časové údaje (např. datum narození) u kterých byly aritmetické operace prováděny funkcemi z balíčku **lubridate** (Grolemund & Wickham 2011). Vzhledem k rozsáhlým úpravám a datovým převodům bylo nutné provést kontrolu a párování dat s příslušnými zvířaty, které bylo zajištěno funkcemi balíčku **assertive** (Cotton 2020). Posledním krokem při úpravě datasetu byla identifikace chybějících údajů, jejichž vizualizaci umožnila funkce `vis_miss` balíčku **visdat** (Tierney 2017) spolu s funkcemi z balíčku **ggplot2** (Wickham 2016), které sloužily k úpravám vlastního grafu.

6.3 Exploratorní analýza dat (EDA)

Rovněž exploratorní analýza dat a statistické modelování (viz následující podkapitola "Tvorba statistického modelu") byly provedeny v programu R v4.2.2 (R Core Team 2022). Exploratorní analýza zahrnovala výpočet základních statistických parametrů jako je aritmetický průměr, medián či směrodatná odchylka u kontinuálních proměnných a sumarizační údaje o počtu hodnot pro jednotlivé úrovně u kategoriálních proměnných (např. pohlaví zvířete). Dále byla pro lepší představu o struktuře dat vytvořena řada diagnostických grafů (sloupcové grafy, histogram, hustotní křivky) u kterých byly použity palety barev dostupné z balíčku **RColorBrewer** (Neuwirth 2022). V rámci diagnostiky byly taktéž spočítány hodnoty Spearmanova a polychorického korelačního koeficientu u studovaných faktorů. Výpočet polychorické korelace byl proveden funkcí `polychor` z balíčku **polycor** (Fox & Dusa 2022), kdežto Spearmanův korelační koeficient byl spočítán funkcí `corr.test` z balíčku **psych** (Revelle 2022) s nastavenou Holmovou korekcí p-hodnoty (Holm 1979) pro vícenásobná testování. Grafická vizualizace obou typů korelačních matic byla provedena rovněž s pomocí balíčku **psych** (Revelle 2022).

6.4 Tvorba statistického modelu

Pro tvorbu statistického modelu bylo nezbytné rozdělit dataset náhodným výběrem na dvě poloviny - trénovací a testovací. Trénovací dataset sloužil k vybrání nevhodnějšího modelu, který byl následně aplikován na testovací dataset. Testovací dataset tak byl použit pouze pro vlastní statistické testování hypotéz. Tímto způsobem byl eliminován potenciální problém se (skrytým) opakovaným testováním statistických hypotéz, který vede ke zvětšení chyby I. druhu (α), a tedy pravděpodobnosti falešně pozitivních výsledků (Forstmeier & Schielzeth 2011). Před samotným rozdělením celkového datasetu byli vynecháni jedinci bez údaje o zhotoviteli rentgenu a jedinci s extrémně vysokým věkem při vyšetření. Fitování byli jedinci starší než byla hodnota průměrného věku + 3 směrodatné odchylky (~ 52 měsíců). Důvodem bylo zjištění o extrémně sešikmené distribuci hodnot u věku vyšetření (Obrázek 11).

Existovaly celkem tři možnosti v jaké podobě hodnotit dysplazii jedince. Buď byl jeho výsledek prezentován indexem (pro každou nohu zvlášť), nebo byl prezentován celkovým stupněm hodnocení (0-4), nebo bylo zahrnuté binární hodnocení (0 bez nálezu a 1 kloub s nálezem). Navíc pro každou tuto možnost byly testovány dvě varianty, kdy byl použit plný trénovací dataset nebo redukovaný dataset bez jedinců, u kterých byl uveden veterinář zhotovující či vyhodnocující rentgeny pouze u jednoho jedince z celého datasetu. Důvodem je, že tato máločetná měření od daného veterináře mohou být v modelu zdrojem dodatečné variability, což lze ověřit pouze empirickým testováním. Celkově tedy vzniklo v rámci trénovacího datasetu šest verzí vstupních dat označených dle způsobu prezentace dkk („index“, „stupen“ či „binární“) a dle varianty s plným („vse“) nebo redukovaným („bj“ = bez jedniček) datasetem.

Tvorbu modelů se smíšenými efekty (LMM – linear mixed models) popř. jednotlivých výstupů z těchto modelů a jejich diagnostiku zajišťovaly balíčky **AICcmodavg** (Mazerolle 2020), **lme4** (Bates et al. 2015) a **lmerTest** (Kuznetsova et al. 2017). U každé verze dat bylo studováno několik modelů, které se lišily tím, jestli zahrnovaly interakci či nikoliv (označeno jako „int“ a „no int“) a podle zastoupení jednotlivých náhodných efektů (efekt psa tj. měření levé a pravé končetiny – p, efekt zhotovitele – z nebo efekt vyhodnotitele - v). Proto například model označený „vse_no_int_pzv“ znamená model s plným datasetem bez interakce s náhodným efektem psa, zhotovitele i vyhodnotitele, podobně model označený „bj_int_zv“ je zkratkou pro redukovaný dataset bez málopočetných měření s interakcí a náhodným efektem zhotovitele a vyhodnotitele (viz kapitola Výsledky).

Konkrétní testované modely, z důvodu lepší přehlednosti zapsané ve formátu programu R, jsou pro jednotlivé datové soubory uvedeny s kapitole Výsledky. Níže je popsána pouze obecná formulace modelu s doplňujícími vysvětlivkami usnadňující orientaci v zápisu R. Lineární modely se smíšenými efekty mají následující maticový zápis:

$$Y_i = X_i\beta + Z_i\mu + \epsilon_i$$

kde Y_i je vektor hodnot závisle proměnné, X_i hodnoty vysvětlujících proměnných, β obsahuje parametry (pevných) efektů (absolutní člen a směrnici), Z_i je strukturní matice pro náhodné efekty, μ představuje náhodné efekty a ϵ je chyba modelu (residuum). Na příkladu níže je pak ukázána formulace modelu pro balíček **lme4**:

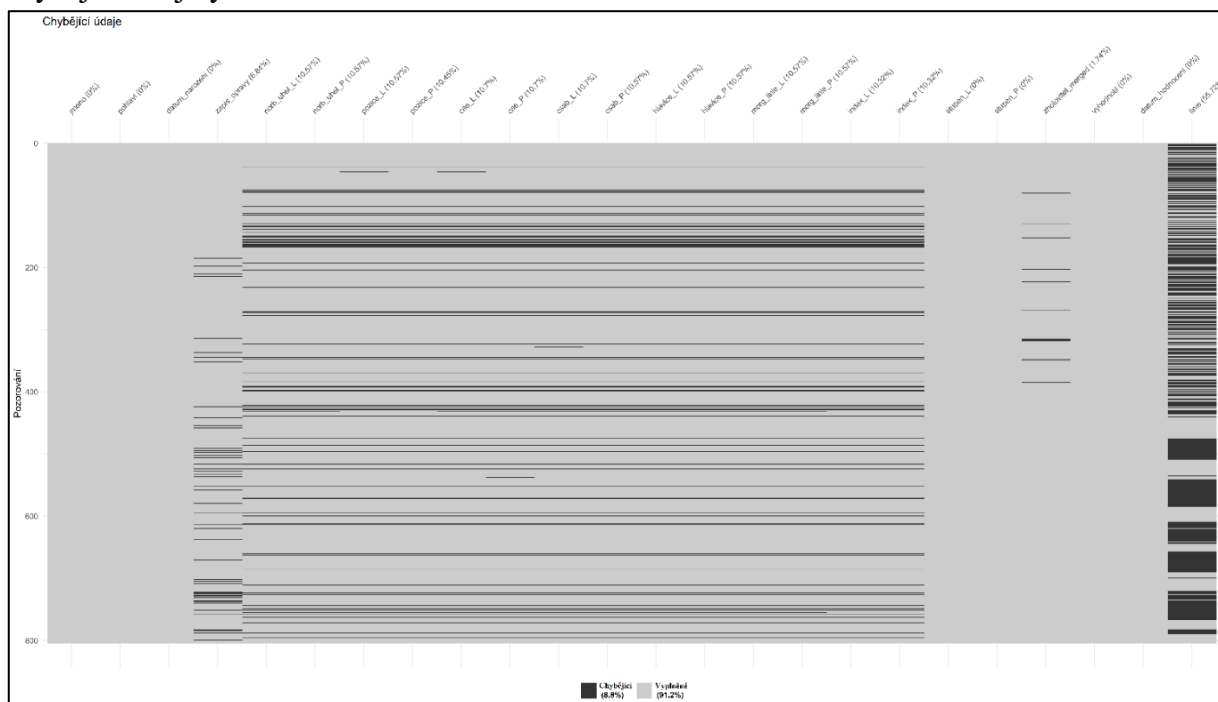
$\text{index_vse} \sim \text{pohlavi} * \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_psa}) + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

kde „index_vse“ představuje závisle proměnnou, „pohlavi“ a „vysetreni_vek“ nezávisle proměnné (1 kategorickou a 1 kontinuální), přičemž symbol „*“ značí interakci mezi proměnnými (symbol „+“ značí model bez interakce) a „efekt_psa“, „efekt_zhotovitele“ a „efekt_vyhodnotitele“ jsou náhodné efekty, zde se jedná o náhodné absolutní členy (intercepty). Formát zápisu rovněž značí, že jsou to tzv. crossed efekty.

7 Výsledky

7.1 Úpravy datového souboru

Pro exploratorní analýzu dat byl použit plný dataset. Tento datový soubor obsahoval všechny zpracované psy bez ohledu na úplnost jejich záznamů. Celkem se jednalo o 804 jedinců. V případě konkrétní analýzy došlo k filtraci neúplných údajů a jedinci s chybějícími informacemi byli z datasetu vyřazeni. Při kontrole bylo odhaleno 88 zvířat s chybějící alespoň jednou informací, což je s přihlédnutím k celkovému počtu zvířat a časovému rozsahu poměrně málo. Celkový přehled chybějících hodnot v datasetu graficky ukazuje Obrázek 10, kde je chybějící údaj vyznačen černou linkou.



Obrázek 10 Znárodné chybějící informace v plném datasetu s uvedeným procentuálním zastoupením.

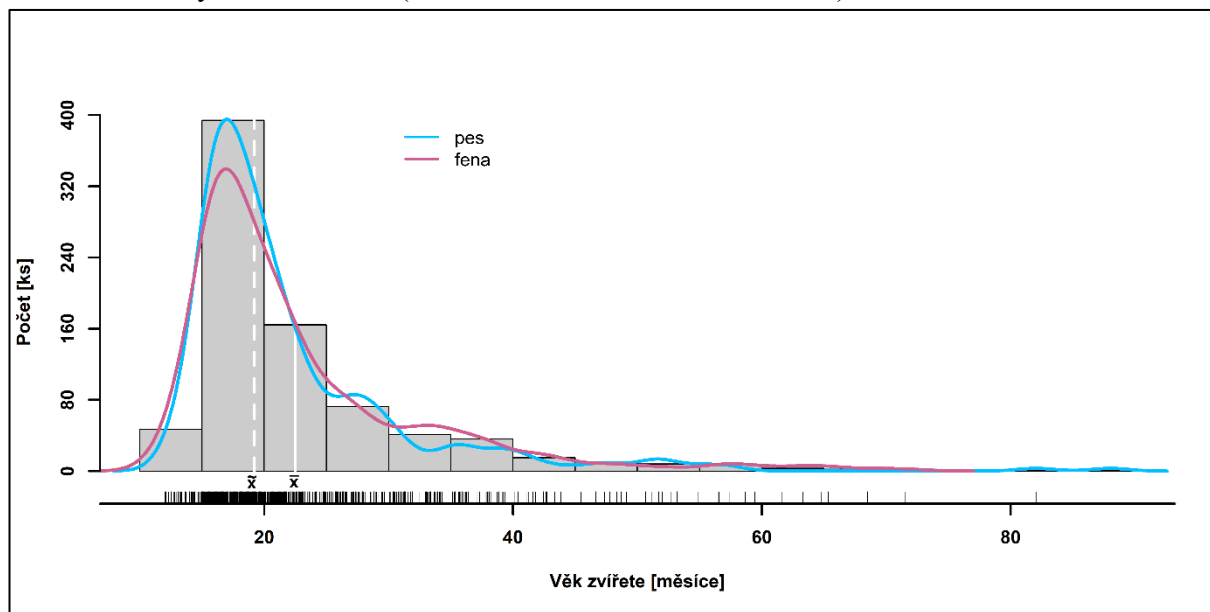
Je třeba podotknout, že na základě chybějícího údaje ve sloupci „zapis_opravy“ nebyl eliminován žádný jedinec. Číslo zápisu bylo do zpracované tabulky zaneseno jako zpětná kontrola pro datum narození. Toto číslo je dle FCI vždy vedeno v konkrétním formátu, který obsahuje poslední dvojčíslí roku narození. Mohlo být tedy použito ke kontrole správnosti roku narození daného psa.

Dále byla některá zvířata vynechána z analýz kvůli chybějící výsledkové kartě. Určité údaje bylo možné čerpat z potvrzení o RTG vyšetření, a proto mohli být tito jedinci zpracováni pro plný dataset. Ovšem nebylo možné je použít při např. korelační analýze. U několika málo jedinců naopak chybělo potvrzení o RTG vyšetření a nebylo tedy možné u nich uvést zhotovitele snímku. Rovněž chybějící data ve sloupci „linie“ nepředstavují pro další analýzy žádný problém. Linie je uváděna pouze u samců, kteří ji dědí po svém otci. Fenám se linie nepřirazují, tudíž u nich musí tato informace zákonitě chybět.

7.2 Exploratorní analýza dat (EDA)

7.2.1 Věk při pořizování RTG snímku

Klubem chovatelů ČSV je aktuálně stanovena věková hranice pro RTG vyšetření DKK minimálně 15 měsíců. Tato hranice je stanovena s ohledem na fyzickou stavbu plemene – větší plemena fyzicky dospívají později než menší plemena. Pro porovnání plemeno border kolie v Maďarsku nebo rotvajleři a bernští salašníčtí psi ve Švédsku mají minimální věk pro vyšetření DKK stanovený na 12 měsíců (Malm et al. 2008; Ács et al. 2020).

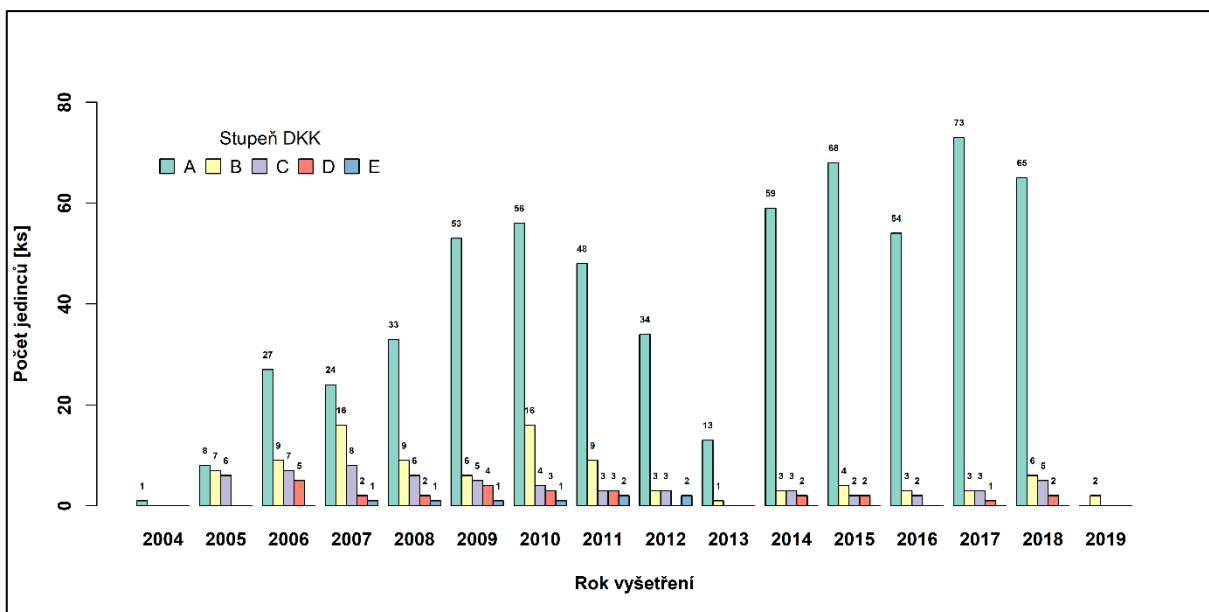


Obrázek 11 Věk zvířete při provedení RTG snímku.

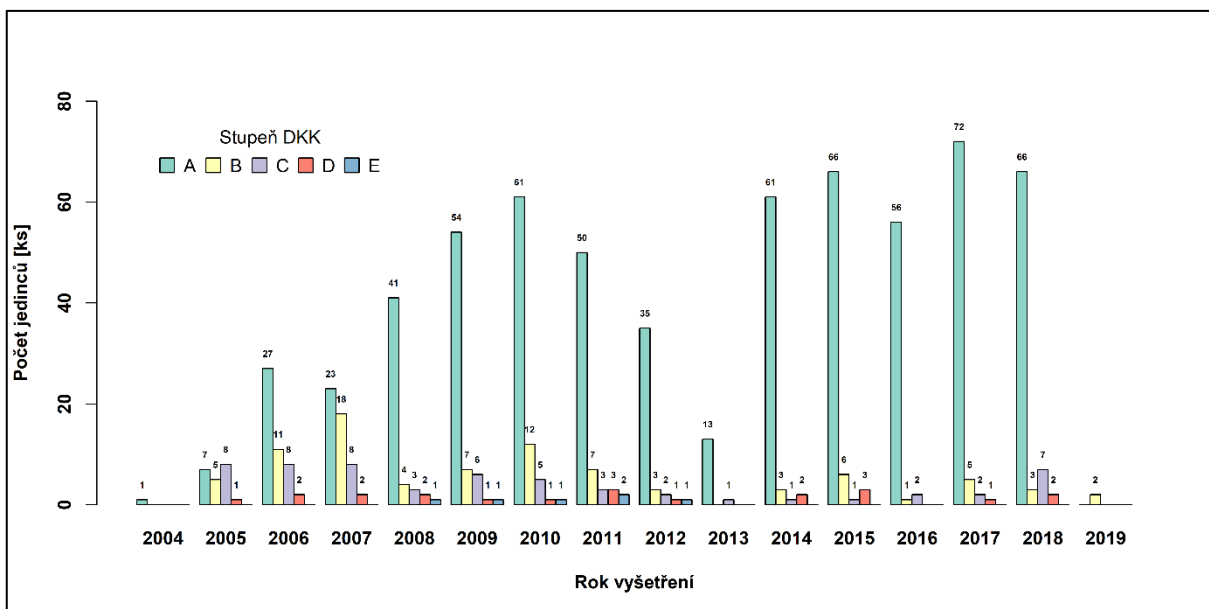
Z Obrázku 11 vyplývá, že průměrný věk (\bar{x}) vyšetřených jedinců je přibližně 22,5 měsíce a mediánová hodnota (\tilde{x}) věku je 19 měsíců. Nejmladší jedinec byl starý 12 měsíců a nejstarší 88 měsíců.

7.2.2 Hodnoty DKK v letech 2004 až 2019

Na základě dostupných dat bylo možné získat vzhled do výskytu DKK v populaci československého vlčáka na území České republiky v letech 2004-2019. Za toto období bylo z celkem 804 jedinců 593 hodnoceno celkovým stupněm A (73,76 %), 101 hodnoceno stupněm B (12,56 %), 68 hodnoceno stupněm C (8,46 %), 33 hodnoceno stupněm D (4,10 %) a 9 hodnoceno stupněm E (1,12 %).

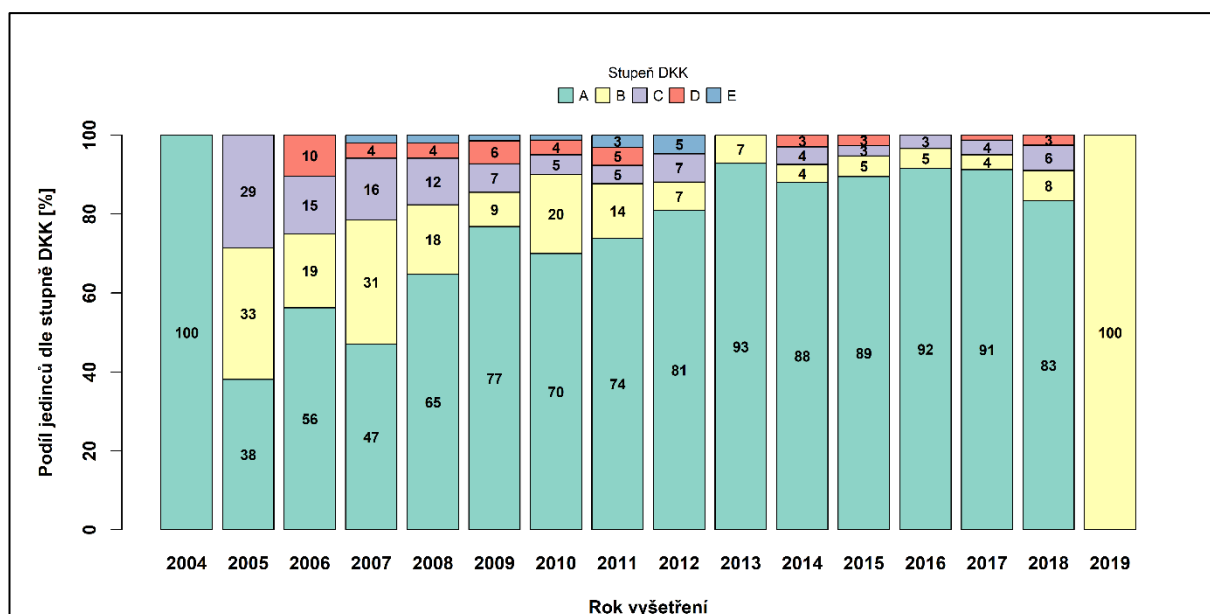


Obrázek 12 Počet jedinců dle stupně DKK v jednotlivých letech - levá končetina.

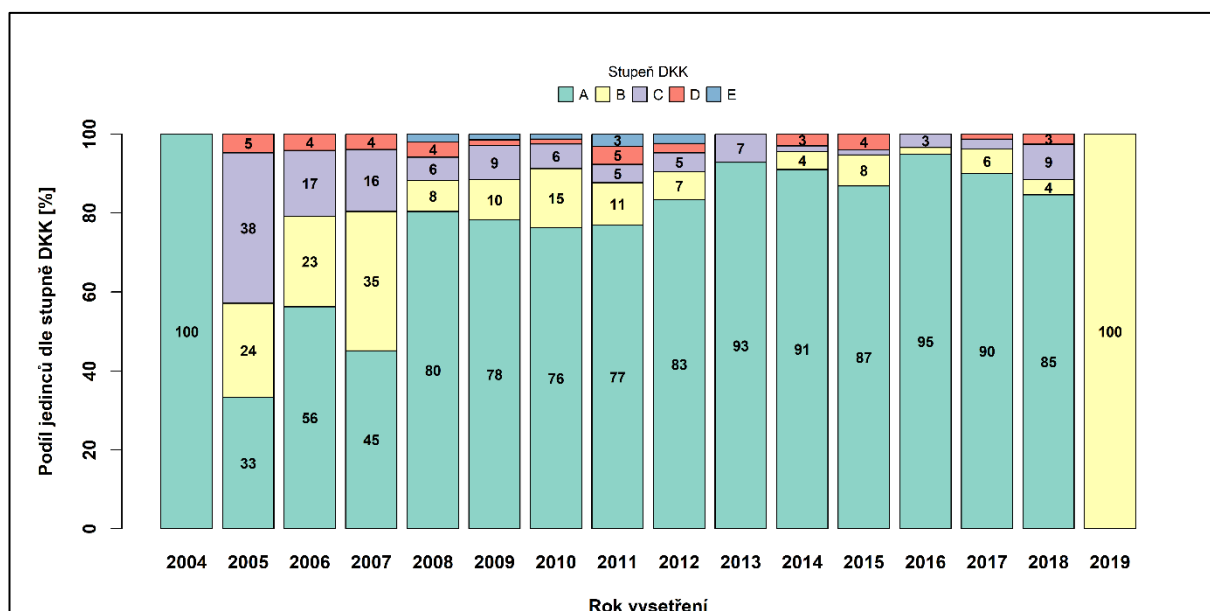


Obrázek 13 Počet jedinců dle stupně DKK v jednotlivých letech - pravá končetina.

Z Obrázku 12 a 13 vyplývá, že převážná většina jedinců, kteří byli oficiálně zrentgenováni a jejichž výsledky obdržel klub chovatelů ČSV, byli hodnoceni stupněm A. Roky 2004 a 2019 však nemají velkou vypovídací hodnotu, jelikož počet hodnocených jedinců v těchto letech je nízký. To samé platí i pro rok 2013, kde bylo klubem poskytnuto pouze 14 výsledkových karet.

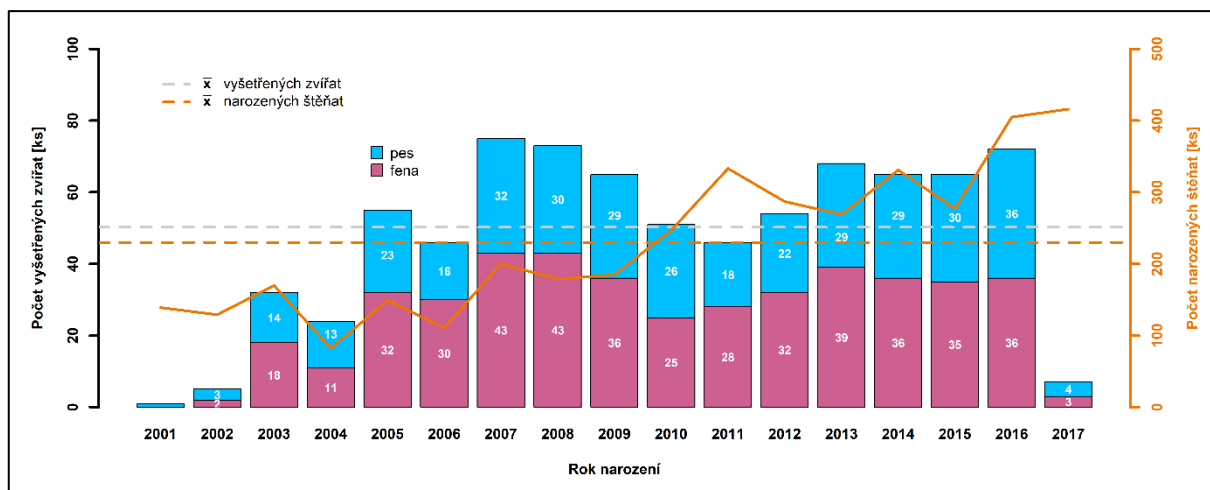


Obrázek 14 Relativní počet jedinců dle stupně DKK v jednotlivých letech - levá končetina.



Obrázek 15 Relativní počet jedinců dle stupně DKK v jednotlivých letech - pravá končetina.

Obrázky 14 a 15 zobrazující procentuální zastoupení jednotlivých stupňů dysplazie dokazují, že s přibývajícím roky stoupá počet jedinců s hodnocením A. Zároveň v populaci klesá výskyt dysplazie stupně B a stupňů horších. Od roku 2013 nebyl v populaci detekován výskyt stupně E.



Obrázek 16 Počet vyšetřených zvířat podle data narození v porovnání s celkovým počtem narozených jedinců v daném roce.

Obrázek 16 zobrazuje počet vyšetřených jedinců vs. počet narozených jedinců v daném roce. Roky 2001, 2002 a 2017 mají kvůli nízkému počtu hodnocených jedinců minimální vypovídající hodnotu. Nejvíce hodnocených jedinců v přepočtu na počet narozených štěňat bylo v roce 2006 (vyhodnoceno bylo 41,44 % narozených jedinců). Naopak nejméně hodnocených jedinců bylo v roce 2016 (vyhodnoceno bylo 17,78 % narozených jedinců). Průměrný počet vyšetřených zvířat (\bar{x}) je 47 jedinců za rok a průměrný počet narozených štěňat (\bar{x}) je 230 za rok.

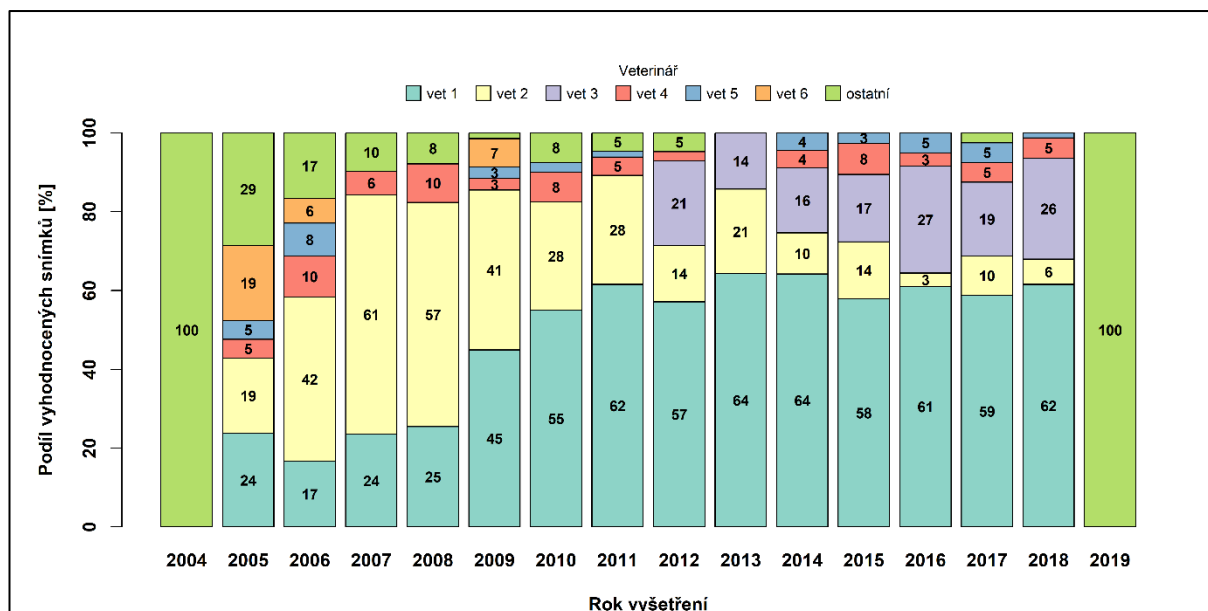
7.2.3 Zhotovitel a vyhodnotitel snímku

Od roku 2018 je nutné provádět RTG snímky na akreditovaném pracovišti akreditovaným veterinářem, jehož hodnocení uznává KCHČSV. Poskytnuté karty datují období před zavedením tohoto pravidla, kdy bylo možné pořídit RTG snímek kyčelního kloubu u kteréhokoli veterináře a následně snímek zaslat k vyhodnocení ortopedovi, který má akreditaci. Na základě této benevolence dataset obsahuje celkem 163 různých zhotovitelů – z toho 92 zhotovitelů (56,4 %) vytvořilo pouze jeden hodnocený RTG snímek. Dle dat většina zhotovitelů pořizovala snímky méně než v pěti případech. Nejvíce bylo vytíženo 16 veterinářů, kteří poskytli dohromady 572 snímků ze 771 (74,19 %).

Seznam vyhodnotitelů byl vždy stanoven chovatelským klubem se snahou o jednotné posuzování. V letech 2004-2019 bylo celkem 15 různých hodnotitelů, z toho dvě jména provedla pouze jedno hodnocení. Zhruba 85% všech snímků posuzovali 3 veterináři. Nejvíce vytížený veterinář (vet 1) hodnotil 404 snímky z 804 snímků, což činí 50,2 %. Druhý nejvíce vytížený (vet 2) hodnotil 194 snímků (24,2 %) a třetí (vet 3) 86 snímků (10,7 %). Konkrétní počty vyhodnocených snímků dle stupně zobrazuje Tabulka 3.

Tabulka 3 Přehled počtu vyhodnocených snímků dle hodnocení u šesti nejvíce vytížených vyhodnotitelů.

Počet snímků dle stupně	A	B	C	D	E	Celkem
Veterinář 1	342	29	20	11	2	404
Veterinář 2	110	43	23	15	3	194
Veterinář 3	70	6	7	2	1	86
Veterinář 4	34	3	3	3	2	45
Veterinář 5	16	5	1	1	0	23
Veterinář 6	5	4	3	0	0	12



Obrázek 17 Podíl vyhodnotitelů DKK v jednotlivých letech.

Obrázek 17 ukazuje procentuální podíl vyhodnocených snímků šesti nejčastěji hodnotícími veterináři. Kategorie „ostatní“ obsahuje všechny veterináře (celkem 9) s menším počtem hodnocení než 10 za celé období 2004-2019. Opět je potřeba upozornit na nízkou vypovídající hodnotu let 2004, 2013 a 2019.

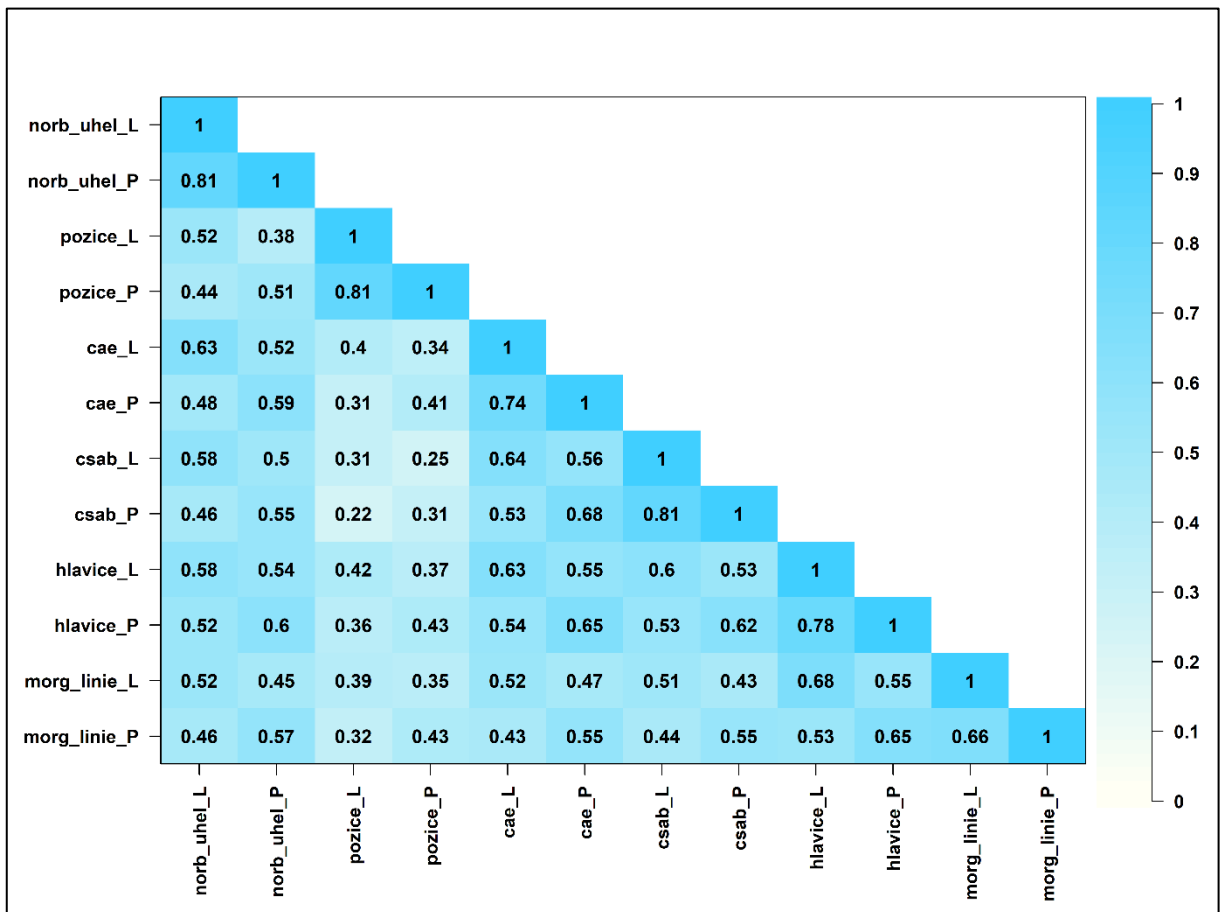
Dle vizualizace bylo relativní množství vyhodnocených RTG snímků v roce 2005 téměř souměrně rozděleno mezi vyhodnotitele. V letech 2006 až 2008 bylo nejvíce snímků vyhodnoceno veterinářem 2. Rok 2009 je zlomový, kdy veterinář 1 a 2 vyhodnotili podobné množství snímků a od roku 2010 až do roku 2018 převládá hodnocení veterináře 2. Zároveň se snižuje vytíženost veterináře 1 a opět hodnotí více snímků veterinář 5.

7.3 Korelační analýza dat

Na základě získaných dat popisujících stavbu kloubů jednotlivých jedinců bylo možné udělat korelační analýzu jednotlivých faktorů, aby byla zjištěna případná závislost mezi nimi. Z celkového počtu 804 jedinců bylo vyjmuto 88 psů s nekompletními údaji, do analýzy bylo tedy zahrnuto 716 zvířat.

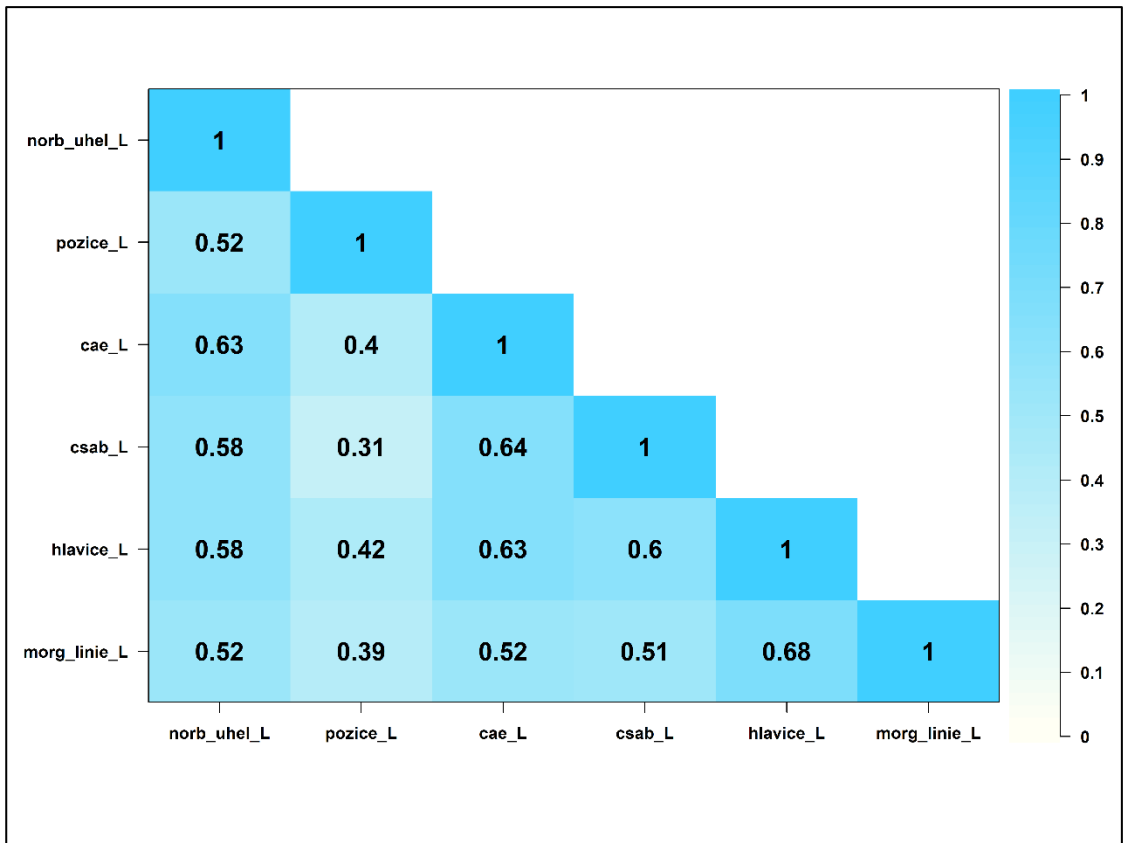
7.3.1 Spearmanova korelace

Pro vyhodnocení případné závislosti mezi faktory byl vybrán Spearmanův korelační koeficient, jelikož lépe zpracovává odlehle hodnoty. Jedná se o neparametrický korelační koeficient, který pracuje pouze s pořadím daných hodnot, nikoli s jejich pravou hodnotou.

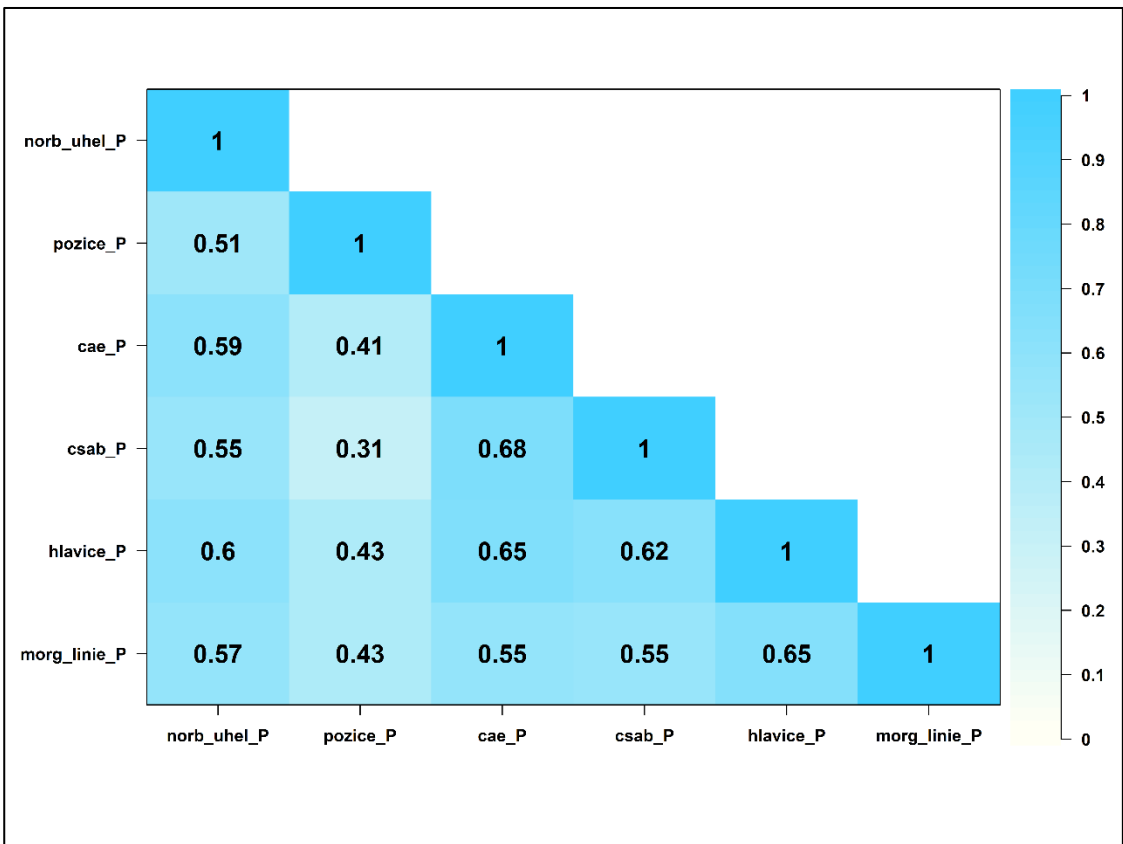


Obrázek 18 Spearmanova korelace mezi hodnocenými faktory pro obě končetiny.

Během testování vyšly všechny Spearmanovy korelace statisticky signifikantní na hladině $\alpha = 0,05$, kdy nejvyšší p-hodnotu (4.99×10^{-9}) měla korelace mezi Norbergovým úhlem a Morganovou linií u pravé končetiny a nejnižší p-hodnotu (3.32×10^{-168}) měla korelace mezi cae pravé končetiny s Norberbovým úhlem levé končetiny. Protože všechny párové korelace nabývaly pouze kladných hodnot, byla vytvořena stupnice v absolutních hodnotách. Z hlediska síly korelace, jež je zobrazena v grafu 8, se korelace pohybovaly od poměrně nízkých např. 0,22, po střední hodnoty jako např. 0,55, až po silnější např. 0,81 – viz Obrázek 18.



Obrázek 19 Spearmanova korelace mezi hodnocenými faktory - levá končetina.

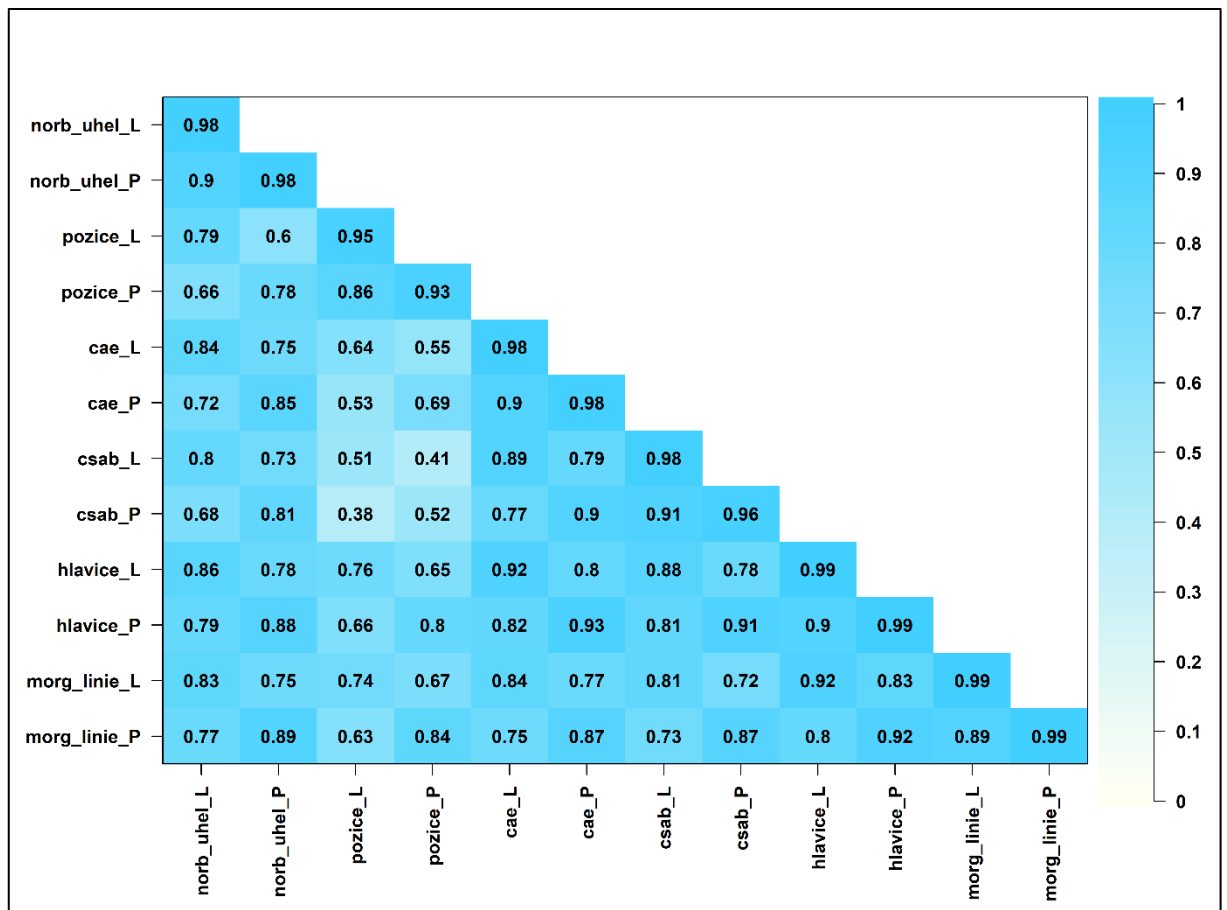


Obrázek 20 Spearmanova korelace mezi hodnocenými faktory - pravá končetina.

Pro přehlednost jsou uvedené na Obrázku 19 a 20 korelace mezi faktory jednotlivých končetin. V rámci jedné končetiny je nejslabší korelace mezi csab a pozicí (0,31) u pravé i levé končetiny. Nejsilnější korelace levé končetiny je mezi faktory morg_linie_L a hlavice_L (0,68), u pravé končetiny je mezi faktory csab_P a cae_P (0,68).

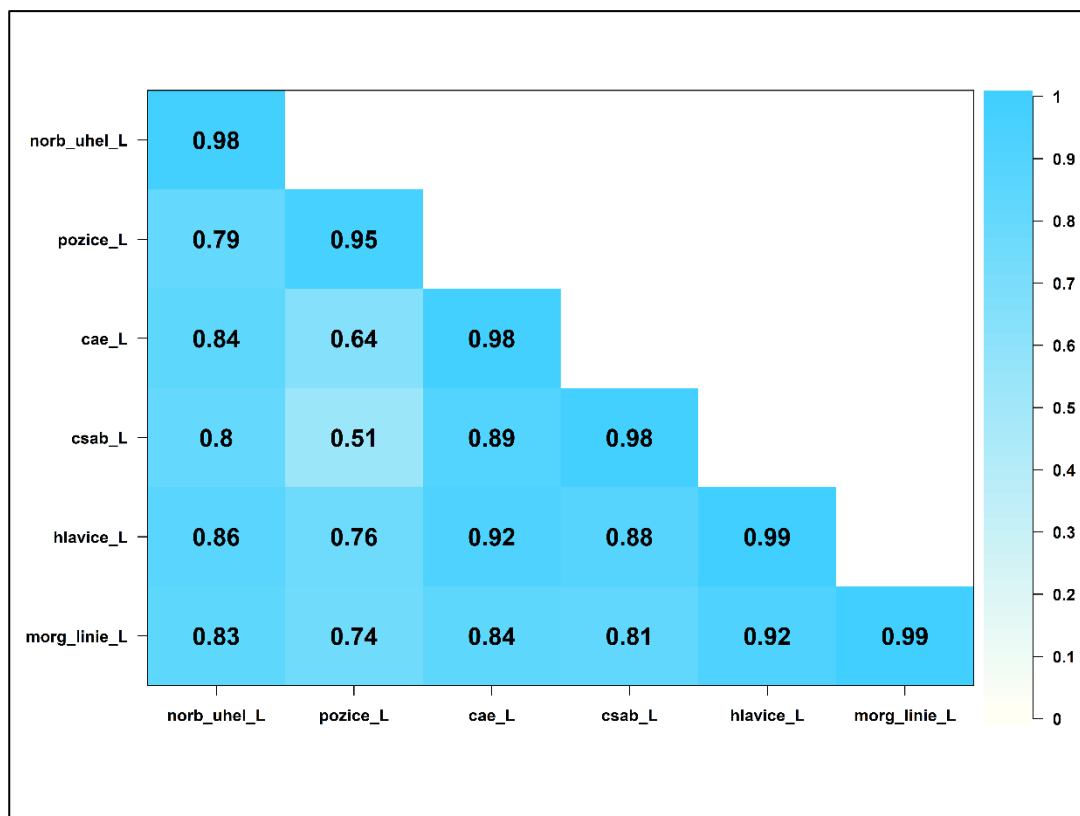
7.3.2 Polychorická korelace

Zároveň byla provedena i polychorická korelace, která je vhodná pro porovnávání dvou ordinálních proměnných.

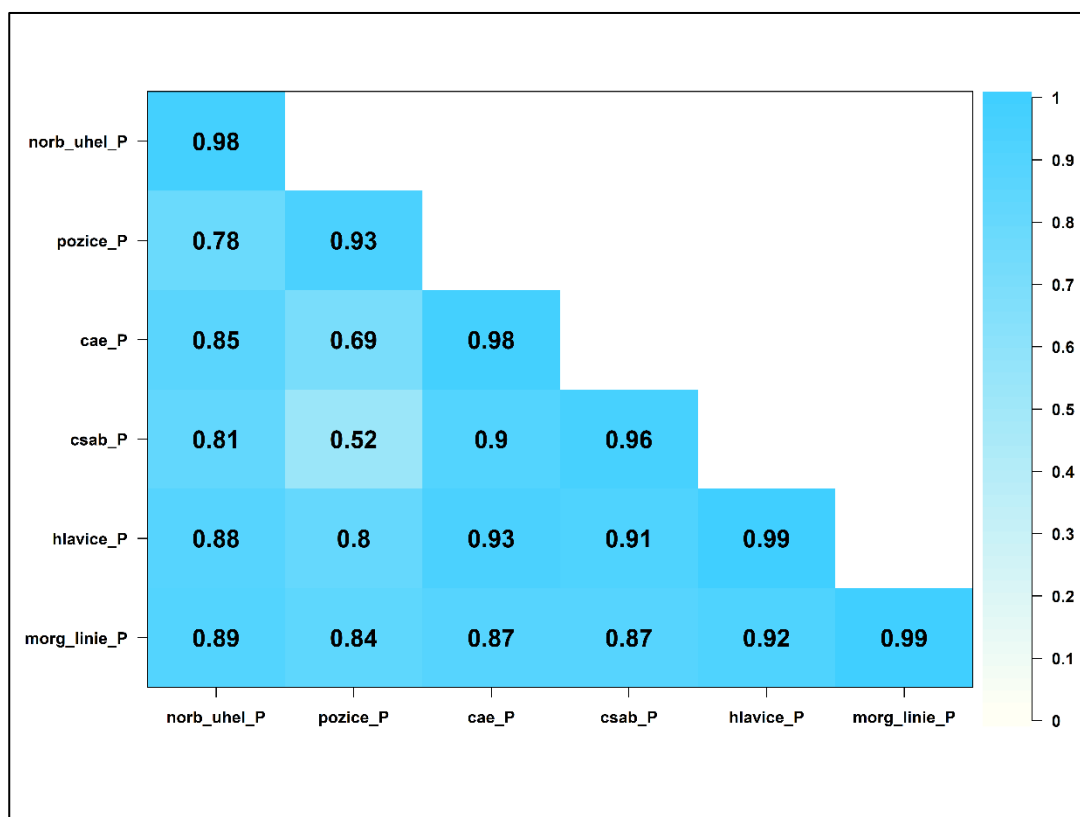


Obrázek 21 Polychorická korelace mezi hodnocenými faktory pro obě končetiny.

Obrázek 21 ukazuje, že míra asociace mezi hodnocenými znaky dle polychorické korelace je dokonce ještě větší než podle Spearmanovy korelace. Při vyhodnocení obou končetin je nejslabší korelace mezi csab_P a pozice_L (0,38), naopak nejsilnější korelace je mezi cae_P a hlavice_P (0,93).



Obrázek 22 Polychorická korelace mezi hodnocenými faktory - levá končetina.



Obrázek 23 Polychorická korelace mezi hodnocenými faktory - pravá končetina.

Pro přehlednost byly uvedené na Obrázku 22 a 23 korelace mezi faktory jednotlivých končetin. V rámci jedné končetiny byla nejslabší korelace mezi csab a pozicí, u pravé (0,52)

a levé (0,51) končetiny. Naopak nejsilnější korelace byla u levé končetiny mezi morg_linie_L a hlavice_L (0,92) a cae_L a hlavice_L (0,92). U pravé končetiny byla nejsilnější korelace mezi hlavice_P a cae_P (0,93).

7.4 Statistický model

7.4.1 Trénovací dataset – DKK analyzována jako index

K analýze byly použity dva typy souborů označené „index_vse“ a „index_bj“. Index_vse obsahoval 684 indexových hodnot, přičemž údaje o výsledcích levé a pravé končetiny byly modelovány jako opakovaná měření téhož jedince. Celkově tedy bylo hodnoceno 342 jedinců. Druhý, redukovaný, dataset obsahoval 544 indexových hodnot a 272 hodnocených jedinců.

Pro každý z těchto souborů bylo testováno 6 modelů, kde závisle proměnnou představovalo DKK (indexově), nezávislou proměnnou pohlaví a věk a do modelu byly zahrnuty jednotlivé náhodné efekty: efekt psa (p), efekt zhotovitele (z) a efekt vyhodnotitele (v) v různých kombinacích uvedených níže.

7.4.1.1 Testované modely v R

V programu R byly testovány následující modely:

$\text{index} \sim \text{pohlavi} * \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_psa}) + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{index} \sim \text{pohlavi} + \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_psa}) + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{index} \sim \text{pohlavi} * \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{index} \sim \text{pohlavi} + \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{index} \sim \text{pohlavi} * \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{index} \sim \text{pohlavi} + \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

kde index je závisle proměnná, pohlavi a vysetreni_vek nezávisle proměnné (pevné efekty) a efekt_psa, vyhodnotitele či zhotovitele jsou náhodné efekty modelu.

Nejvhodnější model pro každý soubor byl vybrán na základě korigovaného Akaikova informačního kritéria (AICc), jehož hodnoty jsou spolu s dalšími ukazateli v Tabulce 4.

Tabulka 4 Vyhodnocení AIC u varianty index z datasetu vse, převzato z programu R. K představuje počet parametrů modelu, AICc je korigované AIC, Delta_AICc ukazuje rozdíly v AICc mezi jednotlivými modely.

	K	AICc	Delta_AICc
no_int_pzv	7	3339,24	0,00
int_pzv	8	3340,15	0,91
no_int_zv	6	3635,03	295,79
int_zv	7	3635,20	295,96
no_int_v	5	3673,48	332,24
int_v	6	3673,96	334,71

Dle AICc byl jako nejlepší model pro DKK index datasetu vse vybrán model bez interakce s náhodnými efekty psa, zhotovitele a vyhodnotitele.

Tabulka 5 Pevné efekty u varianty index z datasetu vse modelu „no_int_pzv“, převzato z programu R. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, t value je testovací hodnota t rozdělení a Pr(>|t|) značí p-hodnotu.

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2,434	7,051x10 ⁻¹	3,645x10 ¹	3,452	0,00142
pohlavi_fpes	4,352x10 ⁻¹	3,642x10 ⁻¹	3,335x10 ²	1,195	0,23299
vysetreni_vek	6,653x10 ⁻³	2,516x10 ⁻¹	2,297x10 ²	0,225	0,82235

Na základě výběru modelu „no_int_pzv“ jsou v Tabulce 5 odhady parametrů pevných efektů. V modelovém výstupu programu R představuje intercept neboli absolutní člen v případě kategorické proměnné jednu úroveň (zde feny) vůči které jsou ostatní úrovně porovnávány (jedná se o tzv. kontrast parametrizaci) a program zobrazuje výsledky pro další úroveň (zde psi) jako rozdíl vůči srovnávací skupině. V rámci tohoto modelu se liší feny od psů pouze o 0,4. Posledním členem (vysetreni_vek) je směrnice neboli sklon přímky, jejíž hodnota naznačuje velmi mírný pozitivní sklon, jak je patrné i ze souhrnného Obrázku 24 b.

Tabulka 6 Náhodné efekty u varianty index z datasetu vse modelu „no_int_pzv“, převzato z programu R.

Groups	Name	Variance
efekt_psa_f	(Intercept)	9,1925
efekt_zhotovitele_f	(Intercept)	0,9313
efekt_vyhodnotitele_f	(Intercept)	0,6797
Residual		2,5804

Tabulka 6 ukazuje hodnotu rozptylu pro jednotlivé náhodné efekty.

Zároveň byl předchozí postup zopakován pro soubor „index bj“. Nejvhodnější model byl vybrán na základě korigovaného Akaiikova informačního kritéria (AICc), jehož hodnoty jsou spolu s dalšími ukazateli v Tabulce 7.

Tabulka 7 Vyhodnocení AICc u varianty index z datasetu bj, převzato z programu R. K představuje počet parametrů modelu, AICc je korigované AIC, Delta_AICc ukazuje rozdíly v AICc mezi jednotlivými modely.

	K	AICc	Delta_AICc
bj_no_int_pzv	7	2611,30	0,00
bj_int_pzv	8	2612,87	1,57
bj_no_int_zv	6	2884,85	273,55
bj_int_zv	7	2886,06	274,76
bj_no_int_v	5	2895,73	284,43
bj_int_v	6	2897,13	285,83

Dle AICc byl jako nejlepší model pro DKK index datasetu **bj** vybrán model bez interakce s náhodnými efekty psa, zhotovitele a vyhodnotitele.

Tabulka 8 Pevné efekty u varianty index z datasetu *bj* modelu „*bj_no_int_pzv*“, převzato z programu R. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, t value je testovací hodnota t rozdělení a Pr(>|t|) značí p-hodnotu.

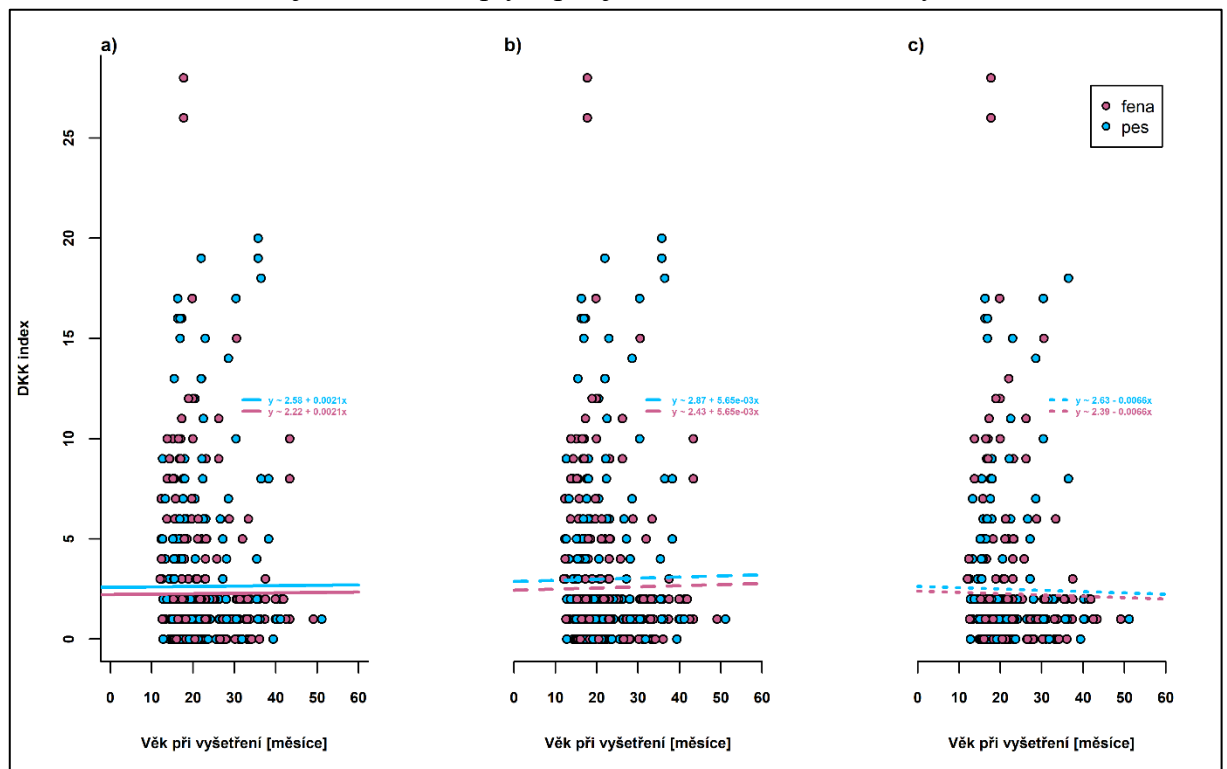
	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2,394475	0,715855	46,444721	3,345	0,00164
pohlavi_fpes	0,235544	0,402837	265,384613	0,585	0,55924
vysetreni_vek	-0,006551	0,028046	260,518309	-0,234	0,81548

Na základě výběru modelu „*bj_no_int_pzv*“ jsou v Tabulce 8 odhady parametrů pevných efektů. V rámci tohoto modelu se liší feny od psů pouze o 0,24. Vyšetreni_vek jakožto směrnice naznačuje mírný negativní sklon, jak je patrné i ze souhrnného Obrázku 24 c.

Tabulka 9 Pevné efekty u varianty index z datasetu *bj* modelu „*bj_no_int_pzv*“, převzato z programu R.

Groups	Name	Variance
efekt_psa_f	(Intercept)	9,2869
efekt_zhotovitele_f	(Intercept)	0,5870
efekt_vyhodnotitele_f	(Intercept)	0,1556
Residual		2,2603

Tabulka 9 ukazuje hodnotu rozptylu pro jednotlivé náhodné efekty.



Obrázek 24 Grafický výstup modelu indexového hodnocení DKK: a) LM výsledek jednoduché lineární regrese bez náhodných efektů – ukázán za účelem srovnání bez modelového výstupu; b) LMM lineární model se smíšenými efekty z datasetu *vse*; c) LMM lineární model se smíšenými efekty z datasetu *bj*.

7.4.2 Trénovací dataset – DKK analyzovaná jako stupeň

K analýze byly použity dva typy souborů označené „stupen_vse“ a „stupen_bj“. Stupen_vse obsahoval 385 hodnocených jedinců, přičemž údaje o výsledcích levé a pravé končetiny byly modelovány jako jedna hodnota. Tato hodnota byla stanovena dle FCI způsobu hodnocení vždy podle končetiny s vyšším hodnocením. Jedinec hodnocen A/B byl celkově hodnocen jako DKK B. Druhý, redukovaný, dataset obsahoval 311 hodnocených jedinců.

Pro každý z těchto souborů byly testovány 4 modely, kde závisle proměnnou představovalo DKK (stupeň), nezávislou proměnnou pohlaví a věk a do modelu byly zahrnuty jednotlivé náhodné efekty: efekt zhotovitele (z) a efekt vyhodnotitele (v) v různých kombinacích níže.

7.4.2.1 Testované modely v R

V programu R byly testovány následující modely:

$\text{stupen} \sim \text{pohlavi} * \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{stupen} \sim \text{pohlavi} + \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_zhotovitele}) + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{stupen} \sim \text{pohlavi} * \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

$\text{stupen} \sim \text{pohlavi} + \text{vysetreni_vek} + (1|\text{efekt_vyhodnotitele})$

kde stupeň je závisle proměnná, pohlaví a vysetreni_vek nezávisle proměnné (pevné efekty) a efekt vyhodnotitele či zhotovitele jsou náhodné efekty modelu.

Nejvhodnější model pro každý soubor byl vybrán na základě korigovaného Akaikova informačního kritéria (AICc), jehož hodnoty jsou spolu s dalšími ukazateli v Tabulce 10.

Tabulka 10 Vyhodnocení AICc u varianty stupeň z datasetu vse, převzato z programu R. K představuje počet parametrů modelu, AICc je korigované AIC, Delta_AICc ukazuje rozdíly v AICc mezi jednotlivými modely.

	K	AICc	Delta_AICc
no_int_zv	6	965,12	0,00
int_zv	7	965,69	0,57
no_int_v	5	970,24	5,12
int_v	6	971,16	6,04

Dle AICc byl jako nejlepší model pro DKK stupně datasetu vse vybrán model bez interakce s náhodnými efekty zhotovitele a vyhodnotitele.

Tabulka 11 Pevné efekty u varianty stupeň z datasetu vse modelu „no_int_zv“, převzato z programu R v podobě kontrastu. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, t value je testovací hodnota t rozdělení a $\text{Pr}(>|t|)$ značí p-hodnotu.

	Estimate	Std. Error	df	t value	$\text{Pr}(> t)$
(Intercept)	$5,951 \times 10^{-1}$	$1,819 \times 10^{-1}$	$3,608 \times 10^1$	3,271	0,00236
pohlavi_fpes	$1,863 \times 10^{-1}$	$8,535 \times 10^{-2}$	$3,718 \times 10^2$	2,183	0,02968
vysetreni_vek	$2,018 \times 10^{-4}$	$5,740 \times 10^{-3}$	$3,725 \times 10^2$	0,035	0,97198

Na základě výběru modelu „no_int_zv“ jsou v Tabulce 11 odhady parametrů pevných efektů. V rámci tohoto modelu se liší feny od psů pouze o 0,1. Vysetreni_vek jakožto směrnice naznačuje téměř nepostřehnutelný pozitivní sklon, jak je patrné i ze souhrnného Obrázku 25 b.

Tabulka 12 Náhodné efekty u varianty stupeň z datasetu vse modelu „no_int_zv“, převzato z programu R.

Groups	Name	Variance
efekt_zhotovitele_f	(Intercept)	0,09765
efekt_vyhodnotitele_f	(Intercept)	0,10079
Residual		0,62781

Tabulka 12 ukazuje hodnotu rozptylu pro jednotlivé náhodné efekty.

Zároveň byl předchozí postup zopakován pro soubor „stupen_bj“. Nejvhodnější model byl vybrán na základě korigovaného Akaikova informačního kritéria (AICc), jehož hodnoty jsou spolu s dalšími ukazateli v Tabulce 13.

Tabulka 13 Vyhodnocení AICc u varianty stupeň z datasetu bj, převzato z programu R. K představuje počet parametrů modelu, AICc je korigované AIC, Delta_AICc ukazuje rozdíly v AICc mezi jednotlivými modely.

	K	AICc	Delta_AICc
bj_no_int_v	5	752,63	0,00
bj_no_int_zv	6	752,96	0,33
bj_int_v	6	754,19	1,56
bj_int_zv	7	754,47	1,84

Dle AICc byl jako nejlepší model pro DKK stupně datasetu bj vybrán model bez interakce s náhodným efektem vyhodnotitele.

Tabulka 14 Pevné efekty u varianty stupeň z datasetu bj modelu „bj_no_int_v“, převzato z programu R. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, t value je testovací hodnota t rozdělení a Pr(>|t|) značí p-hodnotu.

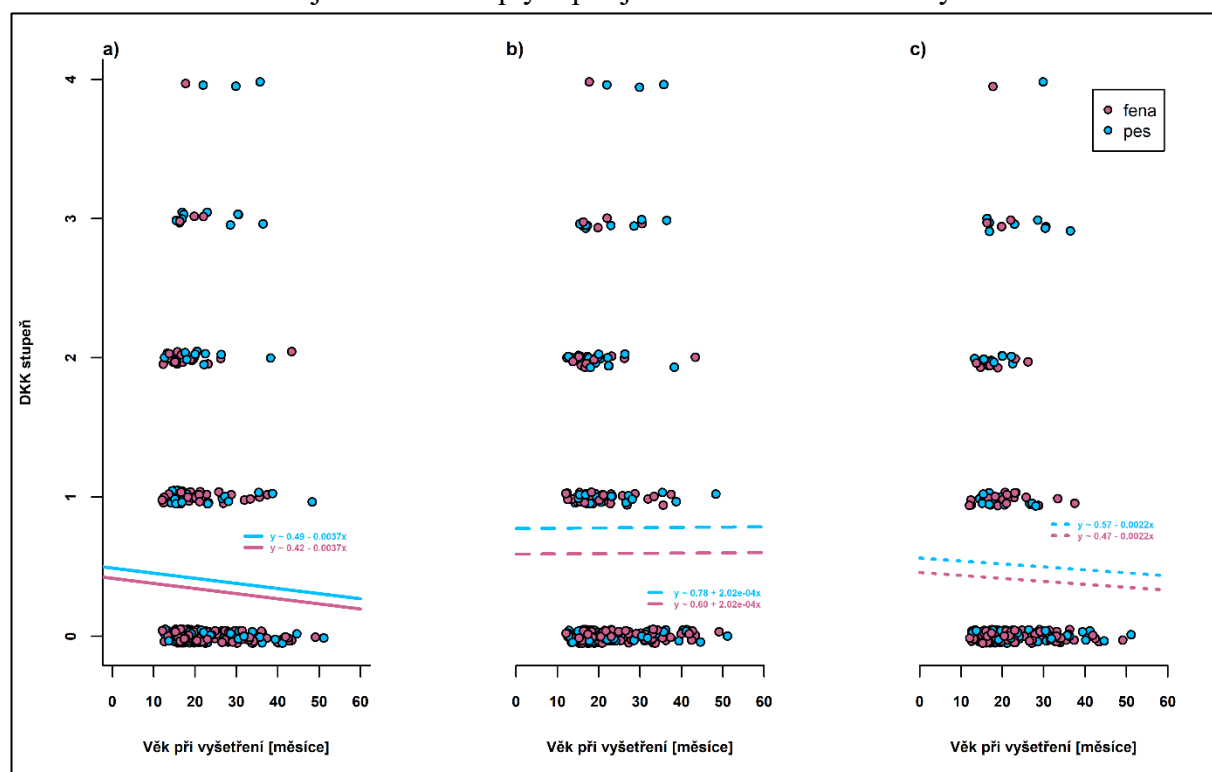
	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0,465351	0,174922	16,525361	2,660	0,0168
pohlavi_fpes	0,104902	0,091780	302,663725	1,143	0,2540
vysetreni_vek	-0,002156	0,006433	304,450737	-0,335	0,7377

Na základě výběru modelu „bj_no_int_v“ jsou v Tabulce 14 odhady parametrů pevných efektů. V rámci tohoto modelu se liší feny od psů pouze o 0,1. Vysetreni_vek jakožto směrnice naznačuje mírný negativní sklon, jak je patrné i ze souhrnného Obrázku 25 c.

Tabulka 15 Náhodné efekty u varianty stupeň z datasetu bj modelu „bj_no_int_v“, převzato z programu R.

Groups	Name	Variance
efekt_vyhodnotitele_f	(Intercept)	0,04603
Residual		0,62757

Tabulka 15 ukazuje hodnotu rozptylu pro jednotlivé náhodné efekty.



Obrázek 25 Grafický výstup modelu hodnocení DKK ve stupních: a) LM výsledek jednoduché lineární regrese bez náhodných efektů – ukázán za účelem srovnání bez modelového výstupu; b) LMM lineární model se smíšenými efekty z datasetu vse; c) LMM lineární model se smíšenými efekty z datasetu bj. Celočíselné hodnoty jsou pro potřeby vizualizace lehce rozptýlené, aby byl lépe viditelný počet jedinců.

7.4.3 Trénovací dataset – DKK analyzována jako binární

K analýze byly použity dva typy souborů označené „binarni_vse“ a „binarni_bj“. Binarni_vse obsahoval 385 hodnocených jedinců, přičemž údaje o výsledcích levé a pravé končetiny byly modelovány jako jedna hodnota. Následně byly hodnoty rozděleny dle svého charakteru do dvou pomyslných skupin. Jedinci s hodnotou A byli zařazeni do „bez nálezu“ a jedinci s hodnotou B až E byli zařazeni jako „s nálezem“. Druhý, redukovaný, dataset obsahoval 311 hodnocených jedinců.

Pro každý z těchto souborů byly testovány 4 modely, kde závisle proměnnou představovalo DKK (binárně), nezávislou proměnnou pohlaví a věk a do modelu byly zahrnuty jednotlivé náhodné efekty: efekt zhotovitele (z) a efekt vyhodnotitele (v) v různých kombinacích níže. Jelikož se jedná o zobecněný lineární model se smíšenými efekty (GLMM = generalized linear mixed model) bylo pro tento model použito binomické rozdělení s vhodnou transformační tzv. link funkcí. V tomto případě se jednalo o logit funkci.

7.4.3.1 Testované modely v R

V programu R byly testovány následující modely:

binarni ~ pohlavi * vysetreni_vek + (1|efekt_zhotovitele) + (1|efekt_vyhodnotitele)

binarni ~ pohlavi + vysetreni_vek + (1|efekt_zhotovitele) + (1|efekt_vyhodnotitele)

binarni ~ pohlavi * vysetreni_vek + (1|efekt_vyhodnotitele)

binarni ~ pohlavi + vysetreni_vek + (1|efekt_vyhodnotitele)

kde binarni je závisle proměnná, pohlavi a vysetreni_vek nezávisle proměnné (pevné efekty) a efekt vyhodnotitele či zhotovitele jsou náhodné efekty modelu.

Nejvhodnější model pro každý soubor byl vybrán na základě korigovaného Akaikova informačního kritéria (AICc), jehož hodnoty jsou spolu s dalšími ukazateli v Tabulce 16.

Tabulka 16 Vyhodnocení AICc u varianty binární z datasetu vse, převzato z programu R. K představuje počet parametrů modelu, AICc je korigované AIC, Delta_AICc ukazuje rozdíly v AICc mezi jednotlivými modely.

	K	AICc	Delta_AICc
bin_no_int_zv	5	413,40	0,00
bin_int_zv	6	415,36	1,95
bin_no_int_v	4	415,82	2,41
bin_int_v	5	417,80	4,40

Dle AICc byl jako nejlepší model pro DKK binární datasetu vse vybrán model bez interakce s náhodnými efekty zhotovitele a vyhodnotitele.

Tabulka 17 Pevné efekty u varianty binární z datasetu vse modelu „bin_no_int_zv“, převzato z programu R. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, z value je standardizované skóre a Pr(>|t|) značí p-hodnotu.

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> t)
(Intercept)	-0,378958	0,614018	-0,617	0,5371
poohlavi_fpes	0,444648	0,267861	1,660	0,0969
vysetreni_vek	-0,005171	0,018277	-0,283	0,7772

Na základě výběru modelu „bin_no_int_zv“ byla znázorněna v Tabulce 17 diference ceny vůči psovi. Je potřeba upozornit, že uvedené hodnoty se nedají přímo srovnávat s předešlými hodnotami, jelikož jsou na jiné (transformované) škále. Skutečné hodnoty v podobě křivek jsou znázorněny na Obrázku 26, kde byly všechny hodnoty retransformovány vhodnou inverzní funkcí (expit).

Tabulka 18 Náhodné efekty u varianty binární z datasetu vse modelu „bin_no_int_zv“, převzato z programu R.

Groups	Name	Variance	Std.Dev.
efekt_zhotovitele_f	(Intercept)	0,4161	0,645
efekt_vyhodnotitele_f	(Intercept)	1,6196	1,273

Tabulka 18 ukazuje hodnotu rozptylu pro jednotlivé náhodné efekty. Tyto hodnoty jsou již standardní (nejsou nijak transformované).

Zároveň byl předchozí postup zopakován pro soubor „binarni_bj“. Nejvhodnější model byl vybrán na základě korigovaného Akaikova informačního kritéria (AICc), jehož hodnoty jsou spolu s dalšími ukazateli v Tabulce 19.

Tabulka 19 Vyhodnocení AICc u varianty binární z datasetu **bj**, převzato z programu R. K představuje počet parametrů modelu, AICc je korigované AIC, Delta_AICc ukazuje rozdíly v AICc mezi jednotlivými modely.

	K	AICc	Delta_AICc
bin_bj_no_int_v	4	319,87	0,00
bin_bj_no_int_zv	5	320,05	0,17
bin_bj_int_v	5	321,71	1,84
bin_bj_int_zv	6	321,91	2,04

Dle AICc byl jako nejlepší model pro DKK binární datasetu **bj** vybrán model bez interakce s náhodným efektem vyhodnotitele.

Tabulka 20 Pevné efekty u varianty binární z datasetu **bj** modelu „bin_bj_no_int_v“, převzato z programu R. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, z value je standardizované skóre a Pr(>|t|) značí p-hodnotu.

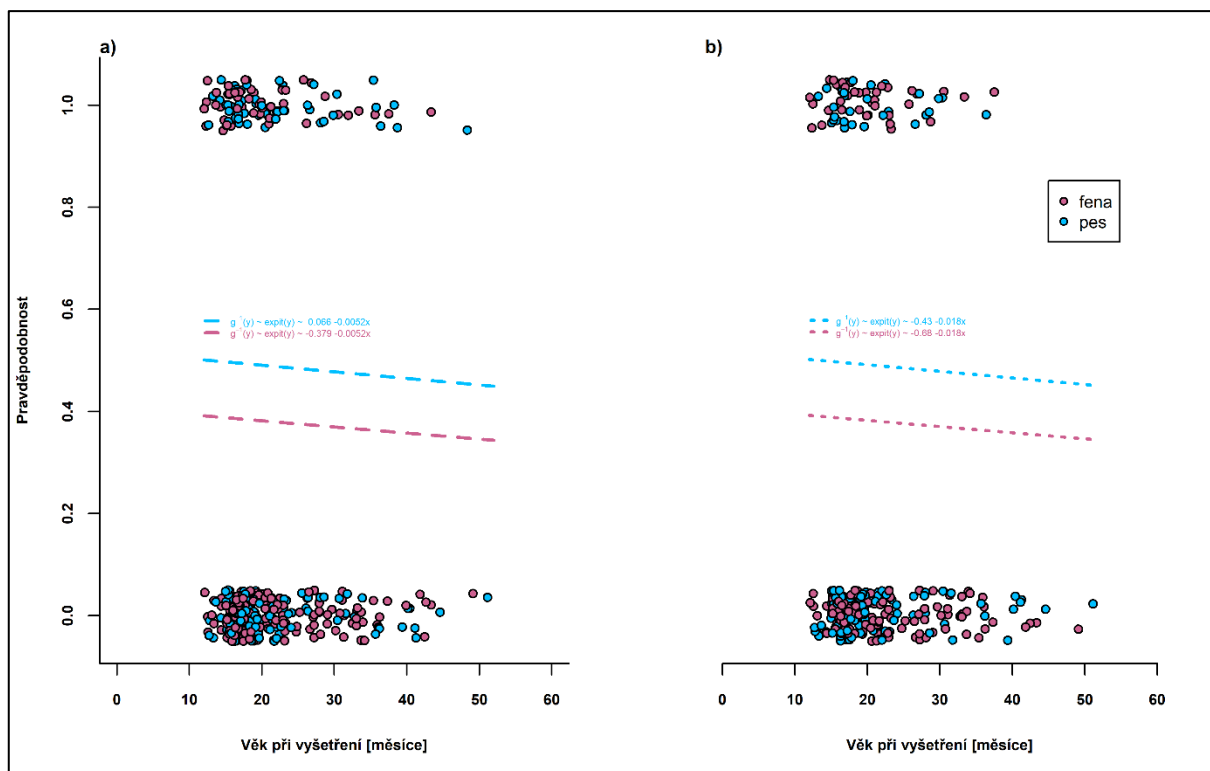
	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> t)
(Intercept)	-0,67940	0,60326	-1,126	0,260
pohlavi_fpes	0,25250	0,29298	0,862	0,389
vysetreni_vek	-0,01790	0,02258	-0,793	0,428

Na základě výběru modelu „bin_bj_no_int_v“ byla znázorněna v Tabulce 20 diference feny vůči psovi. Je třeba upozornit, že hodnoty jsou opět v jiné (transformované) škále.

Tabulka 21 Náhodné efekty u varianty binární z datasetu **bj** modelu „bin_bj_no_int_v“, převzato z programu R.

Groups	Name	Variance
efekt_vyhodnotitele_f	(Intercept)	0,7578

Tabulka 21 ukazuje rozptyl mezi náhodnými efekty.



Obrázek 26 Grafický výstup modelu binárního hodnocení DKK: a) GLMM z datasetu vse; b) GLMM z datasetu bj. Celočíselné hodnoty jsou pro potřeby vizualizace lehce rozptýlené, aby byl lépe viditelný počet jedinců. Modelové hodnoty v podobě křivek pro fenu i psa jsou ukázány na původní škále, jelikož byly retransformovány inverzní funkcí (expit) pro snazší interpretaci výsledků, ale vlastní rovnice uvádí výsledek modelu na transformované škále.

7.4.4 Souhrn statistického modelování

Celkem bylo testováno 28 různých modelů (12x index, 8x stupeň a 8x binární), ale v rámci této práce bylo znázorněno 8 nejlepších modelů vybraných dle AICc. Z výsledků těchto modelů je patrné, že ani pohlaví či věk jedince při vyšetření DKK s velkou pravděpodobností nehraje významnou roli.

Z hlediska náhodných efektů je zřejmé, že u modelů zahrnující všechny efekty (psa, zhotovitele a vyhodnotitele) je nejvíce variability v rámci náhodných efektů (dle ICC – intraclass correlation coefficient) vysvětleno efektem psa (69-79 %) což je pochopitelné i vzhledem k vysoké korelaci mezi výsledky levé a pravé končetiny. Efekt zhotovitele napříč modely vysvětloval mezi 5 až 12 % a vyhodnotitele mezi 1 až 12 % z variability náhodných efektů.

Z diagnostických grafů, které nejsou součástí této práce, byl patrný problém s nehomogenními rozptyly a u řady modelů došlo k narušení předpokladu normálního rozdělení residuí. To má za následek zkreslení odhadu parametru a nadhodnocování či podhodnocování predikovaných hodnot modelem. Tento jev je způsoben samotnou povahou vstupních dat, kdy podstatná část jedinců vykazuje A hodnoty DKK. Nabízelo se řešení v podobě transformace dat a analýzy pomocí GLMM (zobecněných lineárních modelů se smíšenými efekty), ale práce s transformovanými daty často zhoršuje jejich biologickou interpretaci. Z tohoto důvodu a řady jiných důvodů (časové a statistické náročnosti) bylo od takového typu modelu upuštěno. Je však zapotřebí výsledky modelů jak v trénovacím, tak testovacím datasetu brát s určitou rezervou.

7.4.5 Testovací dataset – DKK analyzována jako stupeň

Pro ověření statistických hypotéz byl nakonec vybrán model obsahující všechna měření (tj. vse), kde byla DKK hodnocena jako celkový stupeň a nebyl tedy zahrnut efekt psa. Modelově:

celkovy_stupen ~ pohlavi + vysetreni_vek + (1|efekt_zhotovitele) + (1|efekt_vyhodnotitele).

Tento model byl vybrán, jelikož je to nejběžnější typ modelu a lze ho porovnat s odbornou literaturou. Dále dovoluje stanovit míru vlivu pevné a náhodné složky modelu, což u GLMM je značně obtížné.

Tabulka 22 ANOVA výstup typ 3: analýza rozptylu dle Satterthwaiterovi metody.

	Sum Sq	Mean Sq	NumDF	DenDF	F value	Pr(>F)
pohlavi_f	0,050712	0,050712	1	351,02	0,0850	0,7708
vysetreni_vek	0,211320	0,211320	1	354,73	0,3543	0,5521

Z Tabulky 22 je patrné, že pohlaví ani věk vyšetření není statisticky signifikantní, a proto nezamítáme nulovou hypotézu (H_0) na hladině $\alpha = 0,05$.

Tabulka 23 Pevné efekty testovacího modelu, převzato z programu R v podobě kontrastu. Estimate představuje odhad parametru, Std.Error je chyba odhadu, Df značí stupně volnosti, t value je testovací hodnota t rozdělení a $Pr(>|t|)$ značí p-hodnotu.

	Estimate	Std. Error	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	$6,177 \times 10^{-1}$	$1,868 \times 10^{-1}$	$3,554 \times 10^1$	3,306	0,00217
pohlavi_fpes	$2,428 \times 10^{-2}$	$8,325 \times 10^{-2}$	$3,510 \times 10^2$	0,292	0,77076
vysetreni_vek	$3,419 \times 10^{-3}$	$5,744 \times 10^{-3}$	$3,547 \times 10^2$	0,595	0,55205

Tabulka 23 v podstatě potvrzuje to, co tabulka předchozí. Z výsledků je rovněž patrné, že mezi psem a fenou není statisticky významný rozdíl ($Pr = 0,77$). Bodový odhad interceptu pro feny je 0,62 a intervalový odhad s 95% pravděpodobností nabývá hodnot 0,25 a 0,99. Bodový odhad interceptu pro psy je 0,64 a intervalový odhad je 0,48 a 0,80. Bodový odhad směrnice (vysetreni_vek) je $3,4 \times 10^{-3}$ a intervalový odhad je -0,008 a 0,015.

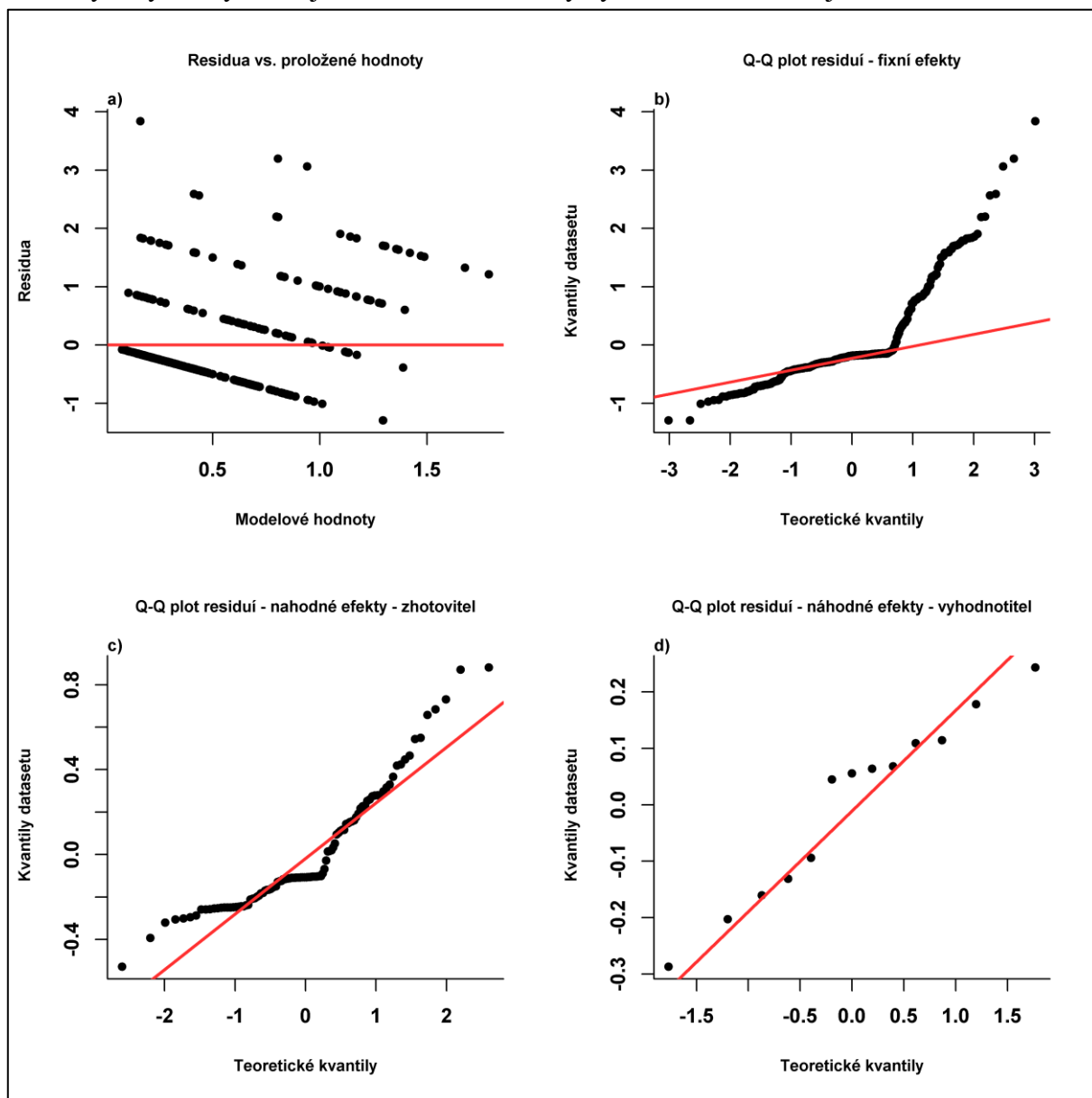
Zajímavé je zmínit hodnoty koeficientu determinace (R^2), které ukazují, kolik procent variability vysvětluje zvolený model. Pro smíšené modely se rozlišují 2 typy: marginální (okrajový) a podmíněný (conditional). Marginální uvádí procentuální zastoupení vysvětlené variability pouze pevnými efekty a podmíněný uvádí procentuální zastoupení vysvětlené variability pevnými a náhodnými efekty dohromady.

R^2 marginální = 0.00092 tj. 0.092 %, což lze zhodnotit jako velmi malý podíl variability vysvětlené pevnými efekty. Tento výsledek je v souladu s malým vlivem pohlaví a věku vyšetření na hodnotu DKK.

R^2 podmíněný = 0.3717 tj. 37.17 % není velká hodnota, která ukazuje na malou vysvětlovací a tedy i predikční schopnost modelu. Z hodnoty marginálního koeficientu determinace je navíc zřejmé, že na vysvětlení variability v datech měla podstatnější vliv náhodná složka modelu.

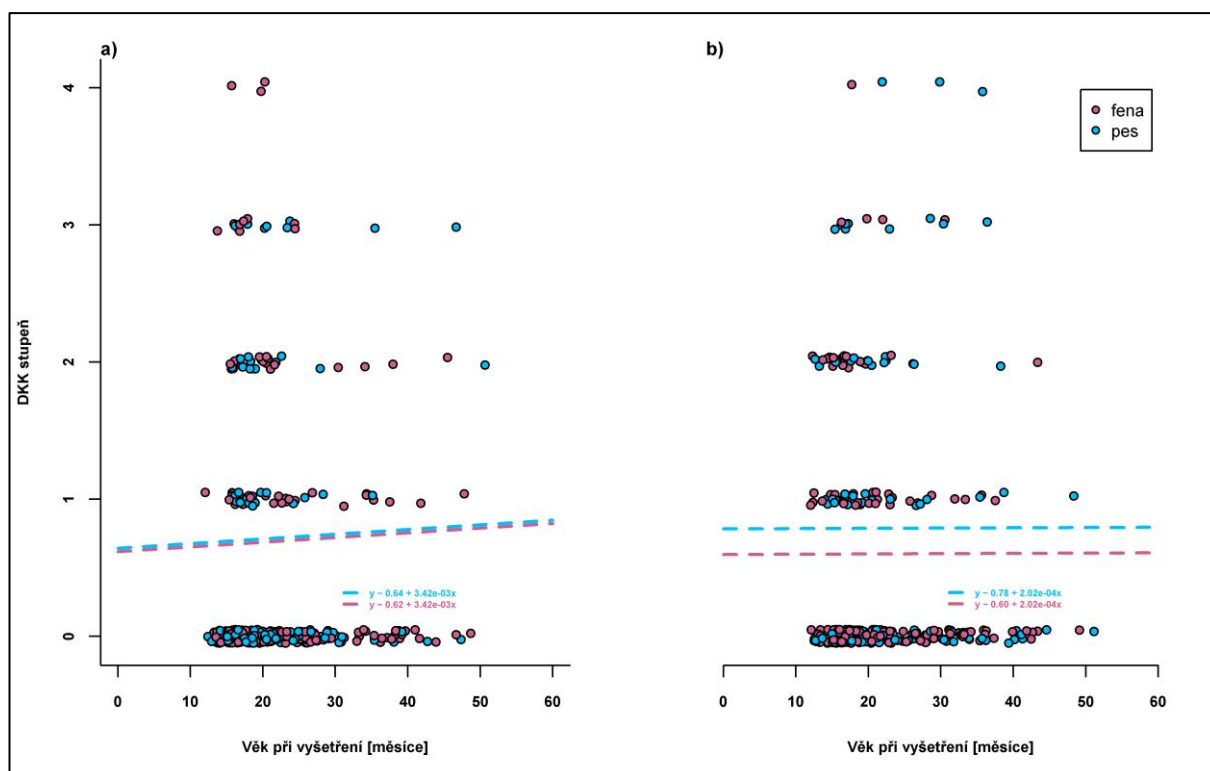
Pro testovací dataset byl vypočítán ICC, který vychází následovně:

- $ICC_z = 0.242$ = zhotovitel vysvětluje 24% variability z náhodných efektů
 - $ICC_v = 0.084$ = vyhodnotitel vysvětluje 8% variability z náhodných efektů
- Tyto výsledky ukazují, že většina variability vysvětlená modelem jde na vrub zhotovitele.



Obrázek 27 Diagnostické grafy k modelu testovacího datasetu: a) rezidua vs. modelové hodnoty; b) Q-Q plot pro pevné efekty; c) Q-Q plot pro náhodné efekty - zhotovitel; d) Q-Q plot pro náhodné efekty - vyhodnotitel.

Obrázek 27 zobrazuje diagnostické grafy k modelu testovacího datasetu. Na Obrázku 7a je patrné, že není splněn požadavek na homogenitu reziduí, což je jedním z nejdůležitějších předpokladů správně vytvořeného modelu. Volba závisle proměnné v podobě celkového stupně DKK namísto indexových hodnot tento problém alespoň zmenšila. Narušení předpokladu normální rozdělení reziduí je nejvíce patrné u pevných efektů (Obrázek 7b), kdežto u náhodných efektů není tento problém tak výrazný.



Obrázek 28 Porovnání výsledků modelování u testovacího datasetu (a) a trénovacího datasetu (b).

Z Obrázku 28 je patrné, že u testovacího datasetu je o něco větší sklon přímek, což naznačuje, že s věkem mírně roste hodnota DKK. Tento výsledek ovšem může být ovlivněn povahou vstupních dat.

8 Diskuze

8.1 Analyzovaná populace československého vlčáka

Československý vlčák přináší možnost sledovat vývoj psího plemene v reálném čase. První náznaky vzniků budoucích psích plemen (izolované nemísící se populace psů) začaly před cca 12 000 lety v dobách, kdy docházelo k osamostatňování lidských populací a k izolaci mezi nimi (Wayne & Ostrander 1999). Vznik a vývoj nejstarších psích plemen už nikdy nebudeme schopni přesně určit, proto je sledování vývoje československého vlčáka tak unikátní věc.

Toto plemeno je výjimečné nejen svým nedávným vznikem, ale zároveň i svým původem. Jedná se o intradruhové křížení geneticky podobných, ale adaptačně vysoce rozdílných poddruhů. Na jedné straně stojí vlk, který se musel několik tisíciletí neustále adaptovat na život v divočině. Na druhé straně stojí vysoce domestikovaný pes domácí, který se přizpůsobil životu po lidském boku a téměř ztratil veškerou svou přirozenost. Vizí pro spojení vlka a německého ovčáka byl vznik zdravého a odolného plemene (Nevolný 2017). Vlčák měl vnést do chovu zdraví a německý ovčák domestikované vlastnosti.

Oficiálně je československý vlčák uznáván FCI od roku 1999, což z něj činí mladé plemeno, které se do podvědomí chovatelů psů po celém světě teprve dostává. Je zde tedy předpoklad, že většina narozených štěňat této rasy je odchována pod dohledem klubu a jedná se o tzv. štěňata s průkazem původu. Zároveň si kluby vedou své dokumenty, které slouží jako podklady pro vyhodnocování situace chovu nebo pro stanovení podmínek, které by měly v budoucnu chov vylepšit.

Prioritou pro každý chovatelský klub je odchov zdravých jedinců splňujících standard plemene. Klub chovatelů ČSV tedy při svém vzniku zavedl povinná testování, která měla udržovat kvalitu chovu. Mezi jeden z povinných zdravotních testů se řadí i hodnocení dysplazie kyčelního kloubu. Do chovu jsou zařazeni pouze jedinci s hodnocením A až C (KCHČSV 2008).

8.2 Analýza výskytu DKK v letech 2004 až 2019

Do analýzy bylo zahrnuto 804 jedinců vyšetřených na DKK v letech 2004-2019. Téměř tři čtvrtiny hodnocené populace měly výslednou hodnotu dysplazie kyčelního kloubu A. Z celkových 804 jedinců bylo 762 hodnoceno stupněm A až C, což znamená, že v pohledu vyhodnocení DKK mohou tato zvířata zasáhnout do chovu a předávat dál svou genetickou informaci. Nedochozí tedy k ohrožení genetické variability selektováním jedinců dle výsledků DKK.

V roce 2005 bylo zastoupení stupňů A až C téměř identické. V následujících letech začal převládat stupeň A a od roku 2012 je zastoupen vždy ve více než 80 % (opět je potřeba upozornit na roky 2004, 2013 a 2019). Na základě dat je zřejmé, že s přibývajícimi roky dochází k eliminaci stupňů horších než A, což je cílem klubu chovatelů. Stejný trend pozorovala ve své studii i Ács et al. (2020), která analyzovala výskyt DKK u plemene border kolie v letech 1990 až 2016.

Je ale potřeba si uvědomit, jak funguje vyšetření DKK a hlavně následné zveřejňování výsledků. V počátcích vzniku plemene měli chovatelé zájem o zveřejňování všech zdravotních výsledků, protože nechtěli chovat na nemocných jedincích. V té době existovalo pár chovatelských stanic, a proto bylo základem zveřejňování těchto výsledků. Ovšem s přibývajícím roky a počty štěňat už nebylo pro chovatele žádoucí zveřejňovat negativní výsledky svých odchovů, protože by jim mimo jiné i klesl počet zájemců o štěňata z jejich chovatelské stanice. Mezi chovateli se začal praktikovat postup, kdy bylo zvíře zrentgenováno, následně vyhodnoceno, ale pokud byl výsledek horší, než majitel čekal, nedošlo již k zaslání hodnocení do klubu chovatelů a výsledek tedy nebyl zveřejněn.

Dále mají chovatelé v České republice možnost tzv. pre-rentgenů, které se dělají dříve než ve věku 15 měsíců. Na základě snímků je ortoped schopný posoudit, zda bude jedinec zatížený dysplazií, či nikoli. V zahraničí je možností pro testování DKK před prvním rokem věku více, např. Barlowův test (Barlow 1963), Bardenův test (Vidoni et al. 2021) či PennHIP metoda (Verhoeven et al. 2012). Tato možnost testování začíná být oblíbená nejen u chovatelů různých plemen, ale i u majitelů sportovních plemen. Pro chovatele je neekonomické držet psa až do věku 15 měsíců, aby zjistil, zda může na základě DKK do chovu. Jednodušší postup je udělat pre-rentgeny a v případě pozitivního nálezu štěně prodat jako nechovné. Takto vyhodnocené štěně již pravděpodobně nikdy nepůjde na oficiální rentgenové vyšetření a jeho výsledky se nedostanou do databáze. Dle získaných informací není tato možnost testování DKK v chovu ČSV příliš rozšířená.

Všechny tyto popsané situace mohou mít vliv na hodnocení vývoje DKK u československých vlčáků. K ověření případného nezveřejňování rentgenových výsledků posloužil Obrázek 16, který zobrazuje počet vyšetřených zvířat vs. počet narozených štěňat za daný rok. Pokud by docházelo k vědomému nezveřejňování výsledků, měl by být znatelný pokles procentuálního zastoupení zrentgenovaných jedinců za daný rok. Z dat vyplývá, že v letech 2003 až 2009 se průměrně zrentgenovalo 34,27 % jedinců narozených v daném roce. Naopak v letech 2010 až 2016 se průměrně zrentgenovalo 19,92 % jedinců narozených v daném roce. Na základě těchto dat lze tvrdit, že od roku 2010 se rentgenuje méně narozených jedinců než v letech předchozích. Toto tvrzení podporuje hypotézu, že dochází k nezveřejňování špatných výsledků. Interpretace tohoto výsledku však není takto jednoduchá. Na počty zrentgenovaných jedinců má vliv i majitel zvířete. S přibývajícím počty narozených štěňat začalo být prodáváno plemeno ČSV i jako „pet mazlíček“ do rodin, kde lze předpokládat, že mnoho těchto jedinců nebylo a nebude rentgenově vyšetřeno. Zároveň dochází k prodeji štěňat do zahraničí, kde jsou sice zrentgenováni, ale majitel již o výsledku nemusí informovat chovatele a výsledky se tedy nedostanou do databáze klubu.

8.3 Vliv zhotovitele a vyhodnotitele snímku

Jak již bylo zmíněno, analyzovaná data zachycují období, kdy bylo možné snímek vyfotit v kterékoli veterinární ordinaci a následně ho zaslat k vyhodnocení akreditovanému veterináři. V datech je zachycen jasný trend, kdy cca do roku 2008 posuzoval převážnou většinu veterinář 2. Od roku 2010 až do roku 2018 převládá v posuzování snímků veterinář 1. Faktorů, které mohou hrát určitou roli, se nabízí hned několik. Jiné faktory budou ovlivňovat situaci, kdy majitel nechá zhotovit snímek u svého veterináře a následně ho pošle k hodnocení. Jiné zase

budou ovlivňovat situaci, kdy si majitel nechává zhotovit snímek u akreditovaného veterináře, který zároveň i snímek vyhodnotí. V prvním případě bude nejdůležitější faktor průměrné hodnocení jedinců, které již veterinář vyhodnotil. Logicky nepoše majitel výsledky k někomu, o kom ví, že hodnotí přísně. Ve druhé situaci může hrát roli více faktorů, např. cena celkového vyšetření, délka objednávací doby, dojezdová vzdálenost pracoviště a samozřejmě také přísnost hodnoceního.

Data na Obrázcích 12 a 13 ukazují narůstající počet hodnocení stupně A a klesající počet hodnocení stupňů horších. Zároveň ukazují postupně narůstající oblibu v hodnocení veterinářem 1. Nabízí se tedy otázka, zda uvedená vytiženost veterináře 1 není způsobena jeho častým kladným hodnocením dysplazie. Dle dat veterinář 2 vyhodnotil stupeň A v 56,7 % případů, zatímco veterinář 1 v 84,7 % případů. Nesmíme zapomínat na fakt, že majitel má právo si vybrat svého vyhodnotitele a každý majitel chce, aby jeho pes měl co nejlepší hodnocení DKK. Na druhou stranu může být narůstající zastoupení hodnocení stupněm A efekt selekce, kterou nastavil klub chovatelů. Pro ověření, zda se jedná o vliv selekce, by bylo potřeba zkoumat delší časový interval.

8.4 Vztah sledovaných faktorů

Provedené korelační analýzy potvrdily silnou závislost mezi jednotlivými faktory. Na základě této informace můžeme tvrdit, že k celkovému vyhodnocení DKK by stačil menší počet faktorů a stále by byla vypovídající hodnota stejná. Ovšem čím více vyhodnocených faktorů je k dispozici, tím přesnější hodnocení může být.

Spearmanovy korelace určily jako nejsilnější korelace ty mezi Norbergovým úhlem levé a pravé končetiny, pozicí levé a pravé končetiny a CSAB levé a pravé končetiny. Jedná se tedy o nejsilnější korelaci celkem tří vybraných faktorů. Tyto výsledky lze interpretovat tak, že obě končetiny jsou geneticky zakládány stejně a je tedy velká šance, že jedinec bude mít výslednou hodnotu hodnocení kyčelního kloubu shodnou pro obě nohy.

Nabízí se otázka, proč mají někteří jedinci hodnocení obou končetin různé, např. A/C? Jedním z vysvětlení by mohlo být nerovnoměrné zatěžování pohybového aparátu během vývoje nebo úraz. Pokud by opravdu vznikala různá hodnocení u jedince vnějšími faktory, nikoli geneticky, znamenal by FCI systém hodnocení značný hendikep pro tyto psy. Jak již bylo zmíněno v kapitole Materiál a metody, jedinec je vždy celkově hodnocen dle horšího výsledku kyčle. Pes, který by měl hodnocení DKK A/D, má výslednou hodnotu dysplazie D. Tento pes již pravděpodobně nebude moci zasáhnout do chovu, protože většina klubů chovatelů, kteří povinně testují DKK, mají maximální hodnotu dysplazie pro uchovnění C. Přestože by tento pes měl po genetické stránce alely, díky nimž by měl hodnocení DKK A a mohl by tyto geny předávat svým potomkům, nebude tento pes kvůli hodnocení nastaveného FCI použit v chovu.

Bohužel se nepodařilo dohledat studie, které by se problematice interpretace hodnocení dysplazie dle FCI věnovaly. Je to pravděpodobně způsobené získanými daty, jelikož pro převážnou většinou studií byla získána finální hodnocení konkrétního jedince, tedy výsledek DKK. Díky výsledkovým kartám, které poskytl KCHČSV, byla v této diplomové práci využita unikátní možnost pracovat s jednotlivými faktory, ze kterých poté finální výsledek DKK vychází.

8.5 Vliv pohlaví a věku na stupeň DKK

Pro testování hypotéz, které si tato práce dala za cíl ověřit, bylo potřeba vytvořit statistické modely. Nejprve je potřeba upozornit na problém, který vznikl povahou dat. Získaná data obsahovala ve více než 75 % případů jedince, kteří mají hodnocení DKK A, a minimální počet jedinců, kteří mají hodnocení DKK D či E. Rozmístění jednotlivých jedinců na pomyslném grafu hodnot je tedy nerovnoměrné.

Bylo vytvořeno celkem 28 modelů testujících vliv pohlaví a věku na stupeň DKK. Celkem bylo provedeno 12 testování indexových hodnot DKK, 8 testování DKK ve stupních a 8 testování DKK hodnocených binárně. Jako nejlepší pro každý typ datasetu (dle AICc) vyšly modely nezahrnující interakci mezi náhodnými faktory a zároveň byly rozdíly mezi fenami a psy vždy mnohem menší než 1. Z výsledků testování vyplývá, že pohlaví ani věk testování nemá na výslednou hodnotu dysplazie vliv.

Absence vlivu pohlaví na hodnotu DKK je v chovatelství zažitá praxe. Ovšem studie od Martin et al. (1980) a Wood & Lakhani (2003) poukazují na větší zatížení samců při výskytu dysplazie, což souhlasí i s výsledky v této diplomové práci. Nicméně absence vlivu věku vyšetření na hodnotu DKK je trochu překvapivým závěrem. Mezi chovateli psů koluje doporučení, že dysplazie by se měla vyšetřit v co nejnižším možném věku. S přibývajícím věkem totiž dochází k opotřebení kloubních spojení, a proto je pro majitele či chovatele výhodné absolvovat RTG vyšetření ihned po věkovém limitu stanoveném klubem. Důvodem pro vyšetření v nižším věku je rovněž časový tlak pro zajištění všech nutných dokladů k uchovnění jedince, konkrétně u fen za účelem odchování prvního vrhu (obecně se doporučuje první vrh do 5 let věku feny). Při koupi psa na sport je vyhodnocení dysplazie nezbytným ukazatelem jeho vhodnosti pro daný druh činnosti. Na vliv věku rovněž upozorňují ve své studii Wood & Lakhani (2003), kteří sledovali výskyt dysplazie u 29 213 labradorských retrívrů.

Výsledek modelu ukazuje, že nejdůležitější perioda při vývoji kyčelního kloubu je do 15. měsíce života československého vlčáka. Během tohoto období dochází k formování kloubní hlavice a kloubní jamky. Po ukončení růstu by již mělo být hodnocení kyčelních kloubů neměnné. Je ovšem potřeba brát v potaz, že toto plemeno již v poslední době není tak hojně využívané na sport a tudíž nejsou klouby tolik namáhané jako u jiných plemen. Pro obecnější závěr vlivu věku na výsledek DKK by bylo určitě vhodné provést studii na více různých plemenech.

9 Závěr

V rámci diplomové práce byly provedeny analýzy výskytu dysplazie kyčelního kloubu v populaci československého vlčáka a zároveň byly testovány hypotézy, které byly stanovené v Kapitole 2.

- Pomocí exploratorní analýzy se podařil potvrdit trend, že ve sledovaném období narůstal počet jedinců s hodnocením A. Zároveň v populaci klesal výskyt dysplazie stupně B a stupňů horších. Tento jev je pravděpodobně důsledkem nastavené selekce ze strany klubu chovatelů ČSV.
- Provedené korelační analýzy ukázaly silnou provázanost hodnocených faktorů při posuzování DKK, čímž bylo potvrzeno, že existuje závislost mezi jednotlivými hodnocenými faktory.
- Pomocí modelu se smíšenými efekty byly testovány dvě zbývající vědecké hypotézy. Nebyla potvrzena závislost mezi věkem jedince a výsledkem dysplazie kyčelního kloubu, což vede k zamítnutí navržené vědecké hypotézy, která tuto závislost očekávala. Zároveň nebyla potvrzena závislost mezi výskytem dysplazie kyčelního kloubu a pohlavím jedince, což odpovídá původně stanovené vědecké hypotéze.

Původní cíl práce, tedy identifikovat pokrevní linie ČSV, které jsou více zatíženy výskytem DKK, nebylo možné kvůli časové a statistické náročnosti naplnit. Ovšem byly provedeny jiné analýzy, které mohou sloužit klubu chovatelů jako podklady pro jeho další činnost v oblasti problematiky dysplazie kyčelního kloubu.

10 Literatura

- Ács V, Kövér G, Farkas J, Bokor Á, Nagy I. 2020. Effects of long-term selection in the Border Collie dog breed: Inbreeding purge of canine hip and elbow dysplasia. *Animals* **10**:1743. Multidisciplinary Digital Publishing Institute.
- Babá AY, de Oliveira CAL, Yoshida GM, Costa MTC, Ribeiro LB, Vasconcellos RS. 2019. Heritability of hip dysplasia: Preliminary results for German Shepherd dogs in Brazil. *Preventive Veterinary Medicine* **171**:104745.
- Baldinger A, Genevois J-P, Moissonnier P, Barthélemy A, Carozzo C, Viguié É, Cachon T. 2020. Prevalence of canine hip dysplasia in 10 breeds in France, a retrospective study of the 1997-2017 radiographic screening period. *PLOS ONE* **15**:e0235847. Public Library of Science.
- Barlow TG. 1963. Treatment of congenital dislocation of the hip in the lewborn. *Proceedings of the Royal Society of Medicine* **56**:804–806.
- Bartolomé N et al. 2015. A genetic predictive model for canine hip dysplasia: integration of Genome Wide Association Study (GWAS) and candidate gene approaches. *PloS One* **10**:e0122558.
- Bates D, Mächler M, Bolker B, Walker S. 2015. Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software* **67**:1–48.
- Bergström A et al. 2020. Origins and genetic legacy of prehistoric dogs. *Science (New York, N.Y.)* **370**:557–564.
- Bergström A et al. 2022. Grey wolf genomic history reveals a dual ancestry of dogs. *Nature* **607**:313–320.
- Botigué L et al. 2017. Ancient European dog genomes reveal continuity since the Early Neolithic.
- Bruun C, Bank A, Ström A, Proschowsky H, Fredholm M. 2020. Validation of DNA test for hip dysplasia failed in Danish Labrador Retrievers. *Animal Genetics* **51**.
- Caniglia R et al. 2018. Wolf outside, dog inside? The genomic make-up of the Czechoslovakian Wolfdog. *BMC Genomics* **19**:533.
- Canina. 2023, January 10. Dysplazie kyčelního kloubu u psů: jak se projevuje a jak ji léčit? Available from <https://www.canina.cz/a/dysplazie-kycelniho-kloubu-u-psu-co-to-je-jak-se-projevuje-a-jak-ji-lecit> (accessed March 28, 2023).
- ČMKU. 2023. Českomoravská kynologická unie. Available from https://www.cmku.cz/data/dokumenty/345_potvrzeni_o_rtg_vysetreni_na_dysplazii_kycelnich_kloubu.pdf (accessed March 28, 2023).
- Cotton R. 2020, August 1. assertive: Readable check functions to ensure code integrity. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=assertive> (accessed February 22, 2023).
- Curik I, Kövér G, Farkas J, Szendrő Z, Romvári R, Sölkner J, Nagy I. 2020. Inbreeding depression for kit survival at birth in a rabbit population under long-term selection. *Genetics, Selection, Evolution : GSE* **52**:39.

- Ding Z-L, Oskarsson M, Ardalan A, Angleby H, Dahlgren L-G, Tepeli C, Kirkness E, Savolainen P, Zhang Y-P. 2012. Origins of domestic dog in Southern East Asia is supported by analysis of Y-chromosome DNA. *Heredity* **108**:507–514. Nature Publishing Group.
- Doekes HP, Bijma P, Windig JJ. 2021. How depressing is inbreeding? A meta-analysis of 30 years of research on the effects of inbreeding in livestock. *Genes* **12**:926.
- Feldman GJ, Parvizi J, Levenstien M, Scott K, Erickson JA, Fortina P, Devoto M, Peters CL. 2013. Developmental dysplasia of the hip: linkage mapping and whole exome sequencing identify a shared variant in CX3CR1 in all affected members of a large multigeneration family. *Journal of Bone and Mineral Research* **28**:2540–2549.
- Forstmeier W, Schielzeth H. 2011. Cryptic multiple hypotheses testing in linear models: overestimated effect sizes and the winner’s curse. *Behavioral Ecology and Sociobiology* **65**:47–55.
- Fox J, Dusa A. 2022, January 11. polycor: polychoric and polyserial correlations. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=polycor> (accessed February 23, 2023).
- Friedenberg SG et al. 2011. Evaluation of a fibrillin 2 gene haplotype associated with hip dysplasia and incipient osteoarthritis in dogs. *American Journal of Veterinary Research* **72**:530–540. American Veterinary Medical Association.
- Ginja M, Gaspar AR, Ginja C. 2015. Emerging insights into the genetic basis of canine hip dysplasia. *Veterinary Medicine : Research and Reports* **6**:193–202.
- Grolemund G, Wickham H. 2011. Dates and times made easy with lubridate. *Journal of Statistical Software* **40**:1–25.
- Gutiérrez-Reinoso MA, Aponte PM, Cabezas J, Rodriguez-Alvarez L, Garcia-Herreros M. 2020. Genomic evaluation of primiparous high-producing dairy cows: Inbreeding effects on genotypic and phenotypic production–reproductive traits. *Animals : an Open Access Journal from MDPI* **10**:1704.
- Hartl K, Jedlička J. 1996. Československý vlčák. Klub chovatelů československého vlčáka, Praha.
- Holm S. 1979. A simple sequentially rejective multiple test procedure. *Scandinavian Journal of Statistics* **6**:65–70.
- Jaro MA. 1980. UNIMATCH, a record linkage system: users manual. Bureau of the Census.
- KCHČSV. 2008, November 12. Klub chovatelů československého vlčáka ČR. Available from <http://www.cswolfdog.cz/index.php/chov/standard> (accessed February 5, 2023).
- King MD. 2017. Etiopathogenesis of canine hip dysplasia, prevalence, and genetics. *The Veterinary Clinics of North America. Small Animal Practice* **47**:753–767.
- Kuznetsova A, Brockhoff PB, Christensen RHB. 2017. lmerTest package: Tests in linear mixed effects models. *Journal of Statistical Software* **82**:1–26.
- Leonard JA, Wayne RK, Wheeler J, Valadez R, Guillén S, Vilà C. 2002. Ancient DNA evidence for old world origin of New World dogs. *Science* **298**:1613–1616. American Association for the Advancement of Science.
- Loo MPJ. 2014. The stringdist package for approximate string matching. *R Journal* **6**:111–122.
- Lopez M, Schachner E. 2015. Diagnosis, prevention, and management of canine hip dysplasia: a review. *Veterinary Medicine: Research and Reports*:181.

- Malm S, Fikse W f., Danell B, Strandberg E. 2008. Genetic variation and genetic trends in hip and elbow dysplasia in Swedish Rottweiler and Bernese Mountain Dog. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **125**:403–412.
- Marschall Y, Distl O. 2007. Mapping quantitative trait loci for canine hip dysplasia in German Shepherd dogs. *Mammalian Genome* **18**:861–870.
- Martin SW, Kirby K, Pennock PW. 1980. Canine hip dysplasia: Breed effects. *The Canadian Veterinary Journal* **21**:293–296.
- Mazerolle MJ. 2020. AICcmodavg: Model selection and multimodel Inference Based on (Q)AIC(c). Available from <https://CRAN.R-project.org/package=AICcmodavg> (accessed April 3, 2023).
- Moravčíková N, Kasarda R, Židek R, Vostrý L, Vostrá-Vydrová H, Vašek J, Čílová D. 2021. Czechoslovakian Wolfhound genomic divergence from its ancestors *Canis lupus*, German Shepherd Dog, and different Sheepdogs of European origin. *Genes* **12**:832.
- MVS. 2015, June 2. Hip dysplasia. Available from <https://www.mvshospital.com/hip-dysplasia/> (accessed March 28, 2023).
- Nash WG, Menninger JC, Wienberg J, Padilla-Nash H, O'Brien S. 2001. The pattern of phylogenomic evolution of the Canidae. *Cytogenetics and cell genetics* **95**:210–24.
- Neuwirth E. 2022, April 3. RColorBrewer: ColorBrewer palettes. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=RColorBrewer> (accessed March 16, 2023).
- Nevolný P. 2017. História vzniku plemena československý vlčíak. Klub chovateľov československých vlčíakov Slovenskej republiky, Bratislava.
- Ostrander EA, Wayne RK. 2005. The canine genome. *Genome Research* **15**:1706–1716.
- Pang J-F et al. 2009. mtDNA Data indicate a single origin for dogs South of Yangtze river, less than 16,300 years ago, from numerous wolves. *Molecular Biology and Evolution* **26**:2849–2864.
- Pascual-Garrido C, Guilak F, Rai MF, Harris MD, Lopez MJ, Todhunter RJ, Clohisy JC. 2018. Canine hip dysplasia: A natural animal model for human developmental dysplasia of the hip. *Journal of Orthopaedic Research* **36**:1807–1817.
- Peterson C. 2017. Canine hip dysplasia: Pathogenesis, phenotypic scoring, and genetics. *Duluth Journal of Undergraduate Biology* **4**:19–27.
- Phavaphutanon J et al. 2009. Evaluation of quantitative trait loci for hip dysplasia in Labrador Retrievers. *American Journal of Veterinary Research* **70**:1094–1101. American Veterinary Medical Association.
- R Core Team. 2022. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available from <https://www.R-project.org/> (accessed February 22, 2023).
- Revelle W. 2022, September 29. psych: procedures for psychological, psychometric, and personality research. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=psych> (accessed March 16, 2023).

- Ruský pes.cz. 2023. Dysplazie, vše o ní, projevy a léčba. Available from <https://ruskypes.cz/diagnoza-a-klinicke-projevy-dysplazie/> (accessed March 28, 2023).
- Savolainen P, Zhang Y, Luo J, Lundeberg J, Leitner T. 2002. Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science (New York, N.Y.)* **298**:1610–1613.
- Shannon LM et al. 2015. Genetic structure in village dogs reveals a Central Asian domestication origin. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **112**:13639–13644.
- Skoglund P, Ersmark E, Palkopoulou E, Dalén L. 2015. Ancient wolf genome reveals an early divergence of domestic dog ancestors and admixture into high-latitude breeds. *Current Biology* **25**:1515–1519.
- Stanin D, Pavlak M, Vrbanac Z, Poto D. 2011a. Prevalence of hip dysplasia in dogs according to official radiographic screening in Croatia. *Vet. arhiv*:14.
- Stanin D, Pavlak M, Vrbanac Z, Potočnjak D. 2011b. Prevalence of hip dysplasia in dogs according to official radiographic screening in Croatia. *Veterinarski arhiv* **81**:235–248. Veterinarski fakultet Sveučilišta u Zagrebu.
- Stock K f., Klein S, Tellhelm B, Distl O. 2011. Genetic analyses of elbow and hip dysplasia in the German shepherd dog. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **128**:219–229.
- Super Veterinary. 2018. Image diagnostic software SuperXvue® D-XR. Available from <https://superveterinary.com/image-diagnostic-software-superxvue-d-xr/> (accessed March 28, 2023).
- Thalmann O et al. 2013. Complete mitochondrial genomes of ancient canids suggest a European origin of domestic dogs. *Science* **342**:871–874. American Association for the Advancement of Science.
- Thomsen H et al. 2016. Runs of homozygosity and inbreeding in thyroid cancer. *BMC Cancer* **16**:227.
- Tierney N. 2017. visdat: visualising whole data frames. *Journal of Open Source Software* **2**:355.
- Todhunter RJ et al. 2005. Quantitative trait loci for hip dysplasia in a crossbreed canine pedigree. *Mammalian Genome* **16**:720–730.
- Ujvari B, Klaassen M, Raven N, Russell T, Vittecoq M, Hamede R, Thomas F, Madsen T. 2018. Genetic diversity, inbreeding and cancer. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* **285**:20172589.
- Vega-Trejo R, de Boer RA, Fitzpatrick JL, Kotrschal A. 2022. Sex-specific inbreeding depression: A meta-analysis. *Ecology Letters* **25**:1009–1026.
- Verhoeven G, Fortrie R, Van Ryssen B, Coopman F. 2012. Worldwide screening for canine hip dysplasia: where are we now? *Veterinary surgery: VS* **41**:10–19.
- Vidoni B, Bauer V, Bockstahler B, Gumpenberger M, Tichy A, Aghapour M. 2021. Early diagnosis of canine hip laxity: correlation between clinical orthopedic examinations and the FCI scoring method in a closed cohort of Rottweilers. *Animals : an Open Access Journal from MDPI* **11**:416.

- Vilà C, Savolainen P, Maldonado J, Amorim I, Rice J, Honeycutt R, Crandall K, Lundeberg J, Wayne R. 1997. Multiple and ancient origins of the domestic Dog. *Science (New York, N.Y.)* **276**:1687–9.
- vonHoldt BM et al. 2010. Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication. *Nature* **464**:898–902.
- Wang G-D et al. 2016. Out of southern East Asia: the natural history of domestic dogs across the world. *Cell Research* **26**:21–33.
- Watson CM, Crinnion LA, Gleghorn L, Newman WG, Ramesar R, Beighton P, Wallis GA. 2015. Identification of a mutation in the ubiquitin-fold modifier 1-specific peptidase 2 gene, UFSP2, in an extended South African family with Beukes hip dysplasia. *South African Medical Journal* **105**:558–563.
- Wayne R, Vilà C. 2001. Phylogeny and origin of the domestic dog. Pages 1–13.
- Wayne RK. 1993. Molecular evolution of the dog family. *Trends in genetics: TIG* **9**:218–224.
- Wayne RK, Ostrander EA. 1999. Origin, genetic diversity, and genome structure of the domestic dog. *BioEssays* **21**:247–257.
- Wayne RK, Ostrander EA. 2007. Lessons learned from the dog genome. *Trends in Genetics* **23**:557–567.
- Wickham H. 2016. *ggplot2: elegant graphics for data analysis*. Springer-Verlag, New York.
- Wickham H. 2019. *stringr: simple, consistent wrappers for common string operations*. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=stringr> (accessed February 22, 2023).
- Wickham H, François R, Henry L, Müller K, Vaughan D. 2022a. *dplyr: A grammar of data manipulation*. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr> (accessed February 22, 2023).
- Wickham H, Girlich M. 2022. *tidyr: tidy messy data*. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=tidyr> (accessed February 22, 2023).
- Wickham H, Hester J, François R, Bryan J, Bearrows S. 2022b. *readr: Read Rectangular Text Data*. Available from <https://CRAN.R-project.org/package=readr> (accessed February 22, 2023).
- Winkler WE. 1990. String momparator metrics and enhanced decision rules in the Fellegi-Sunter model of record linkage. Available from <https://eric.ed.gov/?id=ED325505> (accessed February 22, 2023).
- Wolfdog Database. 2023, February 21. Wolfdog database. Available from <http://www.wolfdog-database.com/> (accessed January 24, 2023).
- Wood JLN, Lakhani KH. 2003. Hip dysplasia in labrador retrievers: the effects of age at scoring. *Veterinary Record* **152**:37–40.
- Wood JLN, Lakhani KH, Rogers K. 2002. Heritability and epidemiology of canine hip-dysplasia score and its components in Labrador retrievers in the United Kingdom. *Preventive Veterinary Medicine* **55**:95–108.

- Zhang Z et al. 2009. Estimation of heritabilities, genetic correlations, and breeding values of four traits that collectively define hip dysplasia in dogs. *American Journal of Veterinary Research* **70**:483–492.
- Zhang Z, Khederzadeh S, Li Y. 2020. Deciphering the puzzles of dog domestication. *Zoological Research* **41**:97. Editorial Office of Zoological Research, Kunming Institute of Zoology, The Chinese Academy of Sciences.
- Zhu L et al. 2009. The long (and winding) road to gene discovery for canine hip dysplasia. *Veterinary journal (London, England : 1997)* **181**:97–110.

11 Seznam použitých zkratek a symbolů

α	hladina významnosti testu
AIC	Akaike information criterion (Akaikovo informační kritérium)
AICc	corrected Akaike information criterion (korigované Akaikovo informační kritérium)
β	parametr (pevných) efektů
BVA	British Veterinary Association (Britská veterinární asociace)
CAE	cranio-lateral acetabular edge (kranio-laterální okraj acetabula)
CSAB	cranial subchondral acetabular bone (kranioální subchondrální acetabulum)
CXCR1	CX3C motif chemokine receptor 1 (fraktalkinový receptor)
ČMKU	Českomoravská kynologická unie
ČSV	československý vlčák
DAE	dorsal acetabular edge (dorzální okraj acetabula)
df	degrees of freedom (stupeň volnosti)
DKK	dysplazie kyčelního kloubu
DLK	dysplazie loketního kloubu
DLS	Dorsolateral Subluxation Score (Dorzolaterální způsob hodnocení)
DM	degenerativní myelopatie
DNA	deoxyribonucleic acid (deoxyribonukleová kyselina)
DW	dwarfismus
ϵ	residuum
EDA	exploratory data analysis (exploratorní analýza dat)
FBN2	fibrillin 2 (fibrilín 2)
FCI	Fédération Cynologique Internationale (mezinárodní kynologická federace)
FHC	femoral head centre (střed hlavice femuru)
F1	první generace mezidruhového křížení
F2	druhá generace mezidruhového křížení
F3	třetí generace mezidruhového křížení
F4	čtvrtá generace mezidruhového křížení
GDPR	general data protection regulation (nařízení o ochraně osobních údajů)
GLMM	generalized linear mixed model (zobecněný lineární model se smíšenými efekty)
ICC	intraclass correlation coefficient (mezifaktorový korelační koeficient)
JS	joint space (kloubní rozsah)
K	počet parametrů modelu
KC	Kennel Club (Klub chovatelů)
KCHČSV	Klub chovatelů československého vlčáka
LM	linear model (lineární model)
LMM	linear mixed model (lineární model se smíšenými efekty)
μ	náhodné efekty
mtDNA	mitochondrial DNA (mitochondriální DNA)

NA	Norberg angle (Norbergův úhel)
OCD	osteocondritis dissecans (osteocondróza ramenního kloubu)
OFA	Orthopedic Foundation for Animals
PennHIP	Pennsylvania Hip Improvement Program
QTL	quantitative trait locus (lokusy kvantitativního znaku)
R^2	koeficient determinace
ROH	runs of homozygosity (úseky DNA s nepřerušenými úseky lokusů, které jsou homozygotní)
SNP	single nucleotide polymorphism (jednonukleotidový polymorfismus)
UFM1	ubiquitin-fold modifier 1 (Ubiquitin-fold modifikátor 1)
UFSP2	UFM1 specific peptidase 2 (UFM1 specifická peptidáza 2)
X_i	hodnota vysvětlující proměnné
Y_i	vektor hodnot závisle proměnné
Z_i	strukturní matic pro náhodné efekty
*	interakce mezi proměnnými
+	model bez interakce

