

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH  
ZEMĚDĚLSKÁ FAKULTA

Studijní program: B4131 Zemědělství  
Studijní obor: Agroekologie  
Zadávací katedra: Katedra zootechnických a veterinárních disciplín a kvality produktů  
Vedoucí katedry: doc. Ing. Miroslav Maršálek, CSc.

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Genetická diverzita plemen skotu v ČR  
(Genetic diversity of cattle in Czech Republic)

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

Autor: Václav Červinka

České Budějovice, 2014



## Prohlášení

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

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

Abstrakt:

Bakalářská práce je věnována genetické diverzně skotu v České republice. Nejdříve je popsána samotná domestikace hosp. zvířat a poté domestikace skotu. Je uvedena historie skotu v ČR, význam chovu skotu v ČR a v neposlední řadě je uveden stav skotu v ČR. Dále je zaměřeno na biodiverzitu, její ohrožení a ochrany a také jsou uvedeny úrovně diverzity. Jsou popsány genetické markery, mikrosatelity, minisatelity, SNP, polymorfni strukturní geny a také jsou popsány mutace. Dále jsou uvedena plemena skotu chovaná v ČR. Je zhodnocen Národní program, genetické zdroje a genetické zdroje v ČR. V závěru práce jsou popsány genetické zdroje česká červinka a český strakatý skot.

Klíčová slova: domestikace, biodiverzita, markery, mikrosatelity, národní program, genetické zdroje skotu

Abstract:

The thesis deals with genetic diversity in the Czech Republic. Firstly domestication of livestock in general and then domestication of cattle is described. History of cattle in the Czech Republic, the importance of cattle breeding and last but not least the condition of cattle in the Czech Republic is also introduced. The thesis is also focused on biodiversity, threats to biodiversity and its conservation and the levels of diversity are also specified. Genetic markers, microsatellites, minisatellites, SNP, polymorphic structural genes and also mutations are described. The cattle breeds farmed in the Czech Republic are specified next. The National Programme, genetic resources and genetic resources in the Czech Republic are evaluated. Finally genetic resources of “ česká červinka” and “český strakatý skot” are described.

Keywords: domestication, biodiversity, markers, microsatellites, genetic resources of cattle

## Poděkování

Chtěl bych poděkovat prof. Ing. Jindřichu Čítkovi, CSc. Za odborné vedení práce a za podporu a trpělivost při jejím vytváření. Rád bych také poděkoval své rodině, přítelkyni a přátelům, kteří mě při vytváření této práce podpořili, a bez jejich pomoci by nebylo možné práci dokončit.

## **OBSAH**

<b>1. Úvod.....</b>	<b>8</b>
<b>2. Literární rešerše .....</b>	<b>9</b>
<b>2. 1. Klasifikace skotu, domestikace a význam chovu skotu v ČR .....</b>	<b>9</b>
2. 1. 1. Klasifikace skotu .....	9
2. 1. 2. Domestikace .....	9
2. 1. 3. Domestikace skotu .....	10
2. 1. 4. Historie skotu v ČR .....	10
2. 1. 5. Význam chovu skotu v ČR.....	11
2. 1. 6. Stav skotu v ČR.....	12
2. 1. 7. Reprodukce a inseminace skotu .....	12
<b>2. 2. Biodiverzita .....</b>	<b>14</b>
2. 2. 1. Diverzita definice .....	14
2. 2. 2. Diverzita .....	14
2. 2. 3. Ochrana biodiverzity .....	14
2. 2. 4. Ohrožení biodiverzity .....	14
2. 2. 5. Úrovně biologické diverzity .....	15
2. 2. 6. Měření druhové rozmanitosti .....	17
2. 2. 7. Faktory ovlivňující diverzitu .....	19
2. 2. 8. Genetická variabilita, její charakteristika a význam .....	19
2. 2. 9. Genetická diverzita hospodářských zvířat.....	20
<b>2. 3. Využití molekulární genetiky v hodnocení zvířat .....</b>	<b>22</b>
2. 3. 1. Genetické markery, rozdělení markerů .....	22
2. 3. 2. Využití markerů v selekci.....	23
2. 3. 3. Mikrosatelity .....	23
2. 3. 4. Minisatelity.....	24
2. 3. 5. Mutace .....	25
<b>2. 4. Metody hodnocení genetické diverzity hospodářských zvířat .....</b>	<b>26</b>
2. 4. 1. Heterozygotnost.....	26
2. 4. 2. Polymorfismus.....	28
<b>2. 5. Národní program, genetické zdroje zvířat.....</b>	<b>29</b>
2. 5. 1. Plemenné knihy .....	29

2. 5. 2. Plemena skotu chována v ČR.....	30
2. 5. 2. 1. Masná plemena skotu.....	30
2. 5. 2. 2. Mléčná plemena skotu .....	35
2. 5. 2. 3. Kombinovaná plemena skotu.....	36
2. 5. 3. Národní program (NP).....	37
2. 5. 4. Národní program ochrany .....	38
2. 5. 5. Hodnocení Národního programu .....	39
2. 5. 6. Financování Národního programu.....	39
2. 5. 7. Genetické zdroje zvířat a jejich význam .....	39
2. 5. 8. Metoda ochrany genetických zdrojů .....	40
<b>2. 6. Genetický zdroj Český strakatý skot.....</b>	<b>42</b>
2. 6. 1. Vznik a vývoj .....	42
2. 6. 2. Stupeň ohrožení a důvody uchování .....	42
2. 6. 3. Způsoby uchování .....	43
2. 6. 4. Stav plemene České strakaté skotu .....	43
<b>2. 7. Genetický zdroj Česká Červinka.....</b>	<b>45</b>
2. 7. 1. Vznik a vývoj .....	45
2. 7. 2. Stupeň ohrožení a důvody uchování .....	45
2. 7. 3. Stav plemene České Červinky.....	46
<b>3. Závěr.....</b>	<b>47</b>
<b>4. Literární přehled.....</b>	<b>48</b>
<b>5. Přílohy.....</b>	<b>56</b>

## 1. Úvod

Na celém světě je v zájmu všech zemí, aby se zlepšila výživa a zdroje potravy postačovaly rostoucí světové populaci. V průběhu 20. století se počet obyvatel světa zvýšil z 1,6 miliard na 6 miliard. S tímto rychlým populačním růstem a technickým rozvojem došlo k nevratným změnám ve vztahu k životnímu prostředí. Tisíce druhů organismů jsou ohroženy intenzivním využíváním krajiny ze strany lidí, znečištěním prostředí či ztrátou svých stanovišť. Je známo, že každým rokem vymírá několik druhů živočichů. Česká republika má malou geografickou rozlohu, ale vyznačuje se velkou druhovou diverzitou. ČR je převážně průmyslovou zemí, ale zemědělství využívá cca 4.280 tisíc ha půdy. Produktivními oblastmi jsou vrchovinné a horské oblasti s minimem orné půdy. Celkové změny jak ekonomické, tak politické v našem státě přispívají ke snížení objemu zemědělské výroby. Výrazné vlivy na strukturu živočišné produkce v našem státě mají státní podpory a dotace. Hlavně jsou podporovány ekologické formy hospodaření. ČR po vstupu do Evropské unie má za cíl v zemědělské politice hlavně dosažení konkurenceschopnosti. Mezi další funkce v zemědělství patří údržba krajiny, obnova biodiverzity a rozvoje venkovského prostoru. Celkové uspořádání ochrany a užití genetických zdrojů u skotu je v ČR na vysoké úrovni díky legislativě a dává budoucí pozitivní rozvoj v této oblasti. Stát přispívá významným způsobem k udržení biologické diverzity hospodářských zvířat.



## **2. Literární rešerše**

### **2. 1. Klasifikace skotu, domestikace a význam chovu skotu v ČR**

#### **2. 1. 1. Klasifikace skotu**

Vědecká klasifikace skotu

Říše: Živočichové (Animalia)

Kmen: Strunatci (Chordata)

Třída: savci (Mammalia)

Řád: Sudokopytníci (Artiodactyla)

Čeleď: turovití (Bovidae)

Podčeleď: Tuři (Bovinae)

Rod: Tur (Bos)

Druh: Pratur (Bos primigenius)

(Reálné zemědělství, 2011)

#### **2. 1. 2. Domestikace**

Domestikace je nejdůležitější děj v lidské historii, který probíhá více jak 13 000 let (Diamond, 2002), je základním krokem v lidském demografickém a kulturním rozvoji. Společně s domestikací rostlin položila základy zemědělství, jakého známe dodnes (Groeneveld, et al, 2010).

Z celého počtu cca 1 270 000 druhů živočichů na Zemi je domestikováno asi 60 druhů (Hajič, 1995). V současnosti téměř jednoznačně převládá názor, že každý domestikovaný druh zvířat pochází pouze z jednoho divokého předka. Domestikované formy i velmi rozdílného vzhledu, které mají navíc různá jména (jednohrbý – dvouhrbý velbloud, skot – zebu) mají opravdu většinou jako předka stejnou divokou formu. Domestikace lidstvu přináší na jedné straně mnoho výhod, na druhé straně ale též zátěž plynoucí ze stálé péče o zvířata (Hinrich, 2006).

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

přizpůsobeny taky ekonomickým a sociálním potřebám místních obyvatel (Lipský, 1999).

Ochrana a zachování rozmanitosti mezi domestikovanými plemeny bylo považováno za důležité z pohledu zemědělství a potravinářského průmyslu, kulturního dědictví a ochrany přírody, rozvoje venkova a vědy. Zvláštní pozornost byla věnována místním plemenům, které často mají jedinečné vlastnosti nebo kombinaci charakteristik (Soini, 2012).

Proces domestikace není ještě ukončený, ale je to naopak. V procesu domestikace se nachází v současné době více druhů, než jich člověk doposud domestikoval. Je to způsobeno neustálým rozvojem lidské společnosti. Ve světě narůstá hlad po živočišné bílkovině a rozvojem biologických a technických věd umožňující vytvoření vhodných podmínek pro chov zvířat (Hajič, 1995).

### **2. 1. 3. Domestikace skotu**

Předkem tura domácího (*Bos taurus*) byl divoký předek pratur (*Bos primigenius*) (Hinrich, 2006). Pratuři byli vyhubeni člověkem poměrně nedávno, poslední jedinec uhynul v Polsku v 17. století (Sychra, 2012). Domestikace skotu byla důležitým krokem v dějinách lidstva. Vedla k rozsáhlým změnám v potravě, chování a socioekonomické struktuře mnoha populací. K zdomácnění došlo před 11 tisíce lety (Beja-Pereira, 2006).

### **2. 1. 4. Historie skotu v ČR**

Intenzivnější rozvoj chovu skotu na území České republiky započal počátkem minulého století. V Čechách a na Moravě převládal chov původního středoevropského červeného skotu brachycerního typu. Proces zušlechťování tohoto původního skotu, který svou užitkovostí přestával vyhovovat stoupajícím nárokům na produkci masa a mléka a na rentabilitu výroby. Spočíval především v rozsáhlých a nekoordinovaných importech nejrozličnějších plemen ze zahraničí a neřešil podstatu nedostatečné produktivity, která vyplývala zejména z nízké úrovně odchovu mladého skotu, výživy, chovatelské péče a cílevědomé selekce. Mění se životní podmínky, zejména ekonomický tlak vyplývající z modernizace a hospodářského rozvoje, přinesly a přinášejí změny ve skladbě jednotlivých skupin plemen i v úrovni a dynamice jejich vývoje. Tomuto procesu nelze zabránit, naopak, celé šlechtitelské procesy se na tento vývoj zaměřují (Hinrich, 2006).

### **2. 1. 5. Význam chovu skotu v ČR**

Chov skotu patří v České republice k základním prvkům v živočišné výrobě a zabezpečuje převážnou část jednotlivých zemědělských podniků. Chov byl u nás zaměřen na produkci mléka a hovězího masa (Teslík, 2000).

V době globálních a nepředvídatelných změn životního prostředí, je zapotřebí udržovat chov skotu z globálního pohledu. Většina ohrožených plemen se specializuje na konkrétní stanoviště nebo výrobní systém a představují, jak v rozvinutých, tak v rozvojových zemích, jedinečné zdroje pro splnění současných a budoucích chovných cílů. Z globálního a dlouhodobého hlediska je zachovat zdroje genů pro budoucí potřeby, a to nejen pro skot, ale i pro ostatní hospodářská zvířata (Medugorac et al., 2009).

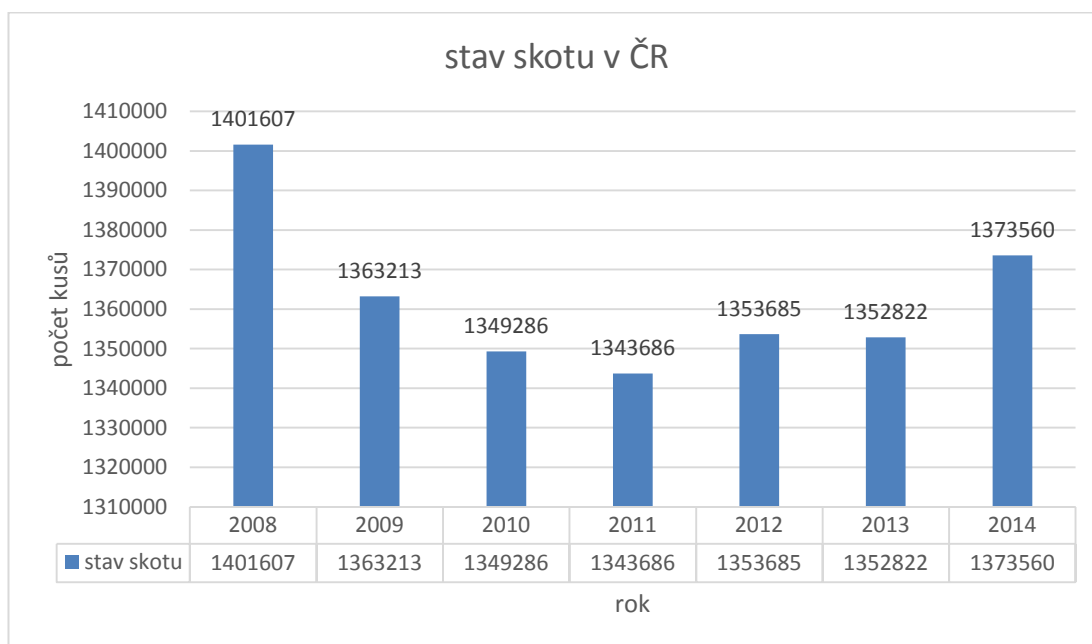
Půda se zohledněním geoklimatických podmínek a chov skotu s ohledem na produkci mléka a hovězího masa jsou nedílným celkem, který významně spolurozhoduje o úspěšnosti národního agrárního programu. Z širšího hlediska má chov skotu nezastupitelné postavení při udržování a zlepšování půdní úrodnosti a tvorby krajiny. Dalším významem chovu skotu spočívá také v produkci mléka jako zdroje mléčných bílkovin, které nelze ve výživě člověka nahradit. V neposlední řadě je významnost skotu jako producenta nutričně idieteticky hodnotného telecího nebo hovězího masa, které je také nenahraditelné (Urban, 1997).

Vzestup užitkovosti je výsledkem neustále se zlepšující genetické práce chovatelů a výrazného zlepšení podmínek produkčního prostředí. Vývoj a dostupnost moderních technologií zlepšily podmínky pro zavádění high-input systémů a nasazení vysoce výkonných plemen. Tyto systémy jsou ve značné míře závislé na speciální produkci krmiv, zvýšené veterinární a plemenářské péči a kvalitních technologiích ustájení a dojení (Mátl, 2004).

Vzhledem k tomu, že moderní šlechtitelské metody potřebují kvalitní infrastrukturu ve velkých stádech skotu, v produktivních komerčních chovech. Chovatelský materiál je snadno importován většinou jako býčí sperma. V důsledku toho, počet původních plemen skotu, které byly udržovány tradičními šlechtitelskými metodami v průběhu staletí v jejich prostředí, se dramaticky snížilo. (Medugorac et al., 2009).

## 2. 1. 6. Stav skotu v ČR

Graf č. 1 Stav skotu v České republice v období od 2008 do 2014 (Český statistický úřad, 2014)



Do roku 2011 se snižoval stav skotu v ČR až na 1 343 686 kusů. Od roku 2014 se zvýšil stav skotu oproti roku 2011 o 2,2% a to o 29 874 kusů (graf č. 1).

## 2. 1. 7. Reprodukce a inseminace skotu

Od roku 2010, kdy se počet inseminací snížil pod 500 tis (k poklesu pod 800, 700 a 600 tis. prvních inseminací došlo v letech 1997, 1999 a 2003), je tento ukazatel poměrně stabilní. V souladu s počtem prvních inseminací v roce 2012 se v roce 2013 zvýšily počty březích jalovic po všech inseminacích (o 1 tis. a 0,7 %) a plemenic skotu celkem (o 1 tis. a 0,2 %), přičemž počet zabřezlých krav se nezměnil (Tab. č. 2) (Ročenka, 2014).

Tab. č. 1 Počty prvních inseminací a zabřezávání po všech inseminacích (Ročenka, 2014)

Rok	první inseminace (tis.)			březích po všech inseminacích (tis.)		
	krávy	jalovice	celkem	krávy	jalovice	celkem
2010	341	147	488	311	142	435
2011	342	149	491	309	143	452
2012	341	149	490	310	143	453
2013	339	149	488	310	144	454

Meziroční vývoj v roce 2013 (Tab. č. 3) poukazuje na mírné zkrácení inseminačního intervalu, servis periody, a vyšší zabřezávání po první inseminaci (Ročenka, 2014).

Tab. č. 2 Zabřezávání po první inseminaci, servis perioda (SP) a inseminační interval (Ročenka, 2014)

Rok	březost po inseminaci (%)			délka (dnů)		
	krávy	jalovice	celkem	ins. interv.	SP	mezidobí
2010	41,3	61,0	47,1	83,0	122,9	410
2011	40,3	60,0	46,3	80,5	121,0	407
2012	40,0	59,4	45,9	77,3	121,5	407
2013	40,9	60,0	46,7	76,3	120,9	406

Z Tab. č. 4 je zřejmé, že v roce 2013 byly k inseminaci nejvyužívanější dávky býků narozených v roce 2007, a že selekční index kolísal mezi 117 až 136 bez zřetelné vazby na počet prvních inseminací (Ročenka, 2014).

Tab. č. 3 Pět nejvyužívanějších býků českého strakatého plemene v roce 2013 (Ročenka, 2014)

státní registr	jméno	rok nar.	Počet inseminací		selekční index
			prvních	všech	
AMT-048	Galilio	2007	15 749	30 463	135
RAD-300	Gray	2007	9 282	17 730	127
RAD-302	Gerlach	2007	7 021	14 070	117
RAD-318	Glorie	2007	6 066	11 026	136
AMT-050	Guitar	2007	5 373	10 931	135

## **2. 2. Biodiverzita**

### **2. 2. 1. Diverzita definice**

Světový fond ochrany přírody definoval v roce 1989 biologickou diverzitu jako „Bohatství života na Zemi, miliony rostlin, živočichů a mikroorganismů, včetně genů, které obsahují, a složité ekosystémy, které vytvářejí životní prostředí“ (Primack, 2001).

### **2. 2. 2. Diverzita**

Diverzita je nejnápadnější vlastností živého světa (Storch, 2000). Jedna z nejzákladnějších otázek ve vědě je, kolik druhů obývá Zemi. Většina druhů není popsána, např. 86% druhů na Zemi a 91% v oceánu stále čeká na svůj popis (Mora, 2011). Diverzita představuje v dnešní době vysoce aktuální téma, jehož význam přesahuje rámec biologických vědních disciplín (Lipský, 1999).

Význam biodiverzity spočívá v tom, že veškerý život na Zemi je součástí jednoho velikého, vzájemně propojeného systému. Bez ochrany struktury, funkce diverzity světových přírodních systémů by nebyl možný ani další rozvoj společnosti (Lipský, 1999).

### **2. 2. 3. Ochrana biodiverzity**

Nedostatečná úroveň financování je hlavní překážkou pro globální ochranu biodiverzity. Chceme – li snížit tempo ztráty biologické diverzity, musí být pro to dostatečné finanční prostředky (Waldron et al., 2013). Hlavní hrozby pro biodiverzity jsou ztráta stanoviště, invaze cizích druhů a patogenů, změna klimatu a vše převážně řízeno lidskou činností (Butt et al., 2013). Ochranou biodiverzity není pouhou záležitostí ochrany volně žijících druhů v přírodních rezervacích. Jedná se také o ochranu a zachování přírodních cyklů, celkovou ochranu genofondu a možností vývoje přírodních druhů (Lipský, 1999).

### **2. 2. 4. Ohrožení biodiverzity**

Aktuální pokles biodiverzity snižuje schopnost ekologických společenstev poskytovat řadu základních ekosystémových služeb. Jako důkaz, že snížení biologické diverzity ovlivňuje přenos infekčních onemocnění lidí, zvířat a rostlin. Oblasti přirozeně vysoké biologické diverzity může sloužit jako zdroj pro nové

patogeny (Keesing, 2010). Ochrana biologické diverzity je středem zájmu biologie ochrany přírody (Primack, 2011).

Udržování zdravého prostředí znamená uchovávat v dobrém stavu všechny jeho složky, jako je např. ekosystémy, společenstva, druhy a genetickou variabilitu. K ohrožení jakékoli složek může vést v konečných důsledcích i k její ztrátě. Společenstva mohou být lokálně degradována a redukována, mnoho z jejich ekosystémové hodnoty může být zničeno, případně mohou zcela vymizet, ale pokud však přežijí všechny druhy, které je tvořily, mají ještě šanci se obnovit. Zmenšení počtu jedinců může dojít k redukcí genetické variability v rámci druhů, to může vést ke genetickým problémům, z nichž se pak některé druhy již zotavit nemusí. Na druhé straně mohou získat genetickou variabilitu prostřednictvím mutací, přírodního výběru a rekombinací (Primack, 2001).

### **2. 2. 5. Úrovně biologické diverzity**

Rozlišujeme tři úrovně biologické diverzity: první úrovní je druhová diverzita, která zahrnuje všechny druhy na Zemi od bakterií a jednobuněčných organismů až po mnohobuněčné druhy rostlin, hub a živočichů. Druhou úrovní je ekosystémová diverzita, která zahrnuje rozličná biologická společenstva a procesy, včetně chemického a fyzikálního prostředí. Poslední úrovní je genetická diverzita, která obsahuje genetickou variabilitu uvnitř druhu, a to jak mezi jedinci uvnitř jedné populace, tak mezi geograficky oddělenými populacemi jednoho druhu (Primack, 2011).

#### **Druhová diverzita**

Druhová diverzita zahrnuje veškeré druhy živých organismů, které se nalézají na Zemi (Primack, 2011). Znat počet druhů na Zemi je jedním z nejzákladnějších otázek ve vědě, ale je omezen tím, že většina druhů ještě nejsou popsány (Mora, 2011). Cílem biologie ochrany přírody je rozlišování a klasifikace druhů. Přesná definice druhů je poměrně složitá, ale definujeme je podle dvou způsobů. První způsob je morfologická definice – druh je skupina jedinců, kteří se morfologicky, fyziologicky nebo biochemicky liší od jiných skupin v nějaké důležité charakteristice. Druhý způsob je biologická definice - druh je skupina jedinců, kteří se mohou v případě navzájem křížit a kteří se nekříží s jedinci jiných skupin (Primack, 2011). Řada druhů již zmizela a další řady každoročně zanikají. Na Zemi

existuje odhadem 30 – 50 druhů milionů druhů organismu a z toho je 1,5 milion popsáno. V České republice je dosud popsáno a zjištěno přibližně 60 tisíc druhů organismů.

Tabulka č. 4 Rozmanitost druhů na Zemi (Mora, 2011)

	Popsané druhy	Odhad počtu druhů
Živočichové	953 434	7 770 000
Řasy	13 033	27 500
Houby	43 271	611 000
Rostliny	215 644	298 000
Prvoci	8 118	36 400
Celkem	1 233 500	8 740 000

#### Ekosystémová diverzita

Ekosystémová diverzita je definována jako soubor populací různých druhů žijících společně na jednom stanovišti vnímaný současně s interakcemi mezi těmito druhy. Společenstvo na určitém území včetně funkčních vztahů s jeho neživým prostředím se nazývá ekosystém. Ten je charakterizován především koloběhem prvků a tokem energie (Lipský, 1999).

#### Genetická diverzita

Genetická diverzita vyjadřuje rozmanitost genů v rámci druhů. Zahrnuje odlišné populace téhož druhu nebo genetické variace v rámci jedné populace (Lipský, 1999). Populace je skupina jedinců schopných se vzájemně křížit a produkovat potomstvo. Druh může zahrnovat jednu či více oddělených populací. Populace může být tvořena pouze několika jedinci nebo miliony jedinců (Primack, 2001).

Člověk si vybíral pro domestikaci velmi omezený počet druhů, které jsou dnes rozšířené po celé Zemi: skot, kůň, ovce, koza, prase, osel, husa, kachna, slepice a krocan. Kromě toho najdeme i několik dalších druhů, které mají geograficky rozšíření velmi omezené – indický slon, velbloud, lama (Lipský, 1999).

Jedinci v populaci se navzájem geneticky liší. Genetická variabilita vzniká proto, že jedinci mají trochu rozdílné formy sekvencí DNA (deoxyribonukleová kyselina), které tvoří geny – funkční jednotky, jež kódují proteiny v živých organismech, jako např. hemoglobin, který přenáší kyslík v krvi. Geny jsou



zabudovány do strukturních jednotek chromozomů, které jsou umístěny v jádře buňky. Různé formy genů se nazývají alely a rozdíly mezi nimi vznikají pomocí mutací, které se objevují v DNA. Různé alely genu mohou ovlivnit vývoj a fyziologii jednotlivého organismu a následně i jeho relativní schopnost přežití a reprodukce jedince (Primack, 2011).

Genetická variabilita vzrůstá, když potomci obdrží jedinečnou kombinaci genů a chromozomů od rodičů díky rekombinaci, která probíhá při sexuálním rozmnožování. K výměně genů mezi chromozomy dochází během meiózy. Vznikají tak nové kombinace rodičovských chromozomů v geneticky jedinečném potomkovi. Soubor všech genů a alel v populaci tvoří genofond, zatímco určitá kombinace alel jedince je jeho genotyp. Fenotyp jedince představuje morfologické, fyziologické a biochemické charakteristiky, které jsou projevem jeho genotypu v určitém prostředí. Genetická variabilita populace je dána jak počtem genů, které mají více než jednu alelu v genomu – jsou tzv. polymorfní, tak počtem alel každého polymorfního genu. Polymorfní geny umožňují jedincům v populaci být heterozygotními pro daný gen, obdržet od každého z rodičů jinou alelu tohoto genu (Primack, 2001).

Koncepce biologické diverzity specificky uznává domestikované a chované druhy jako významný komponent globální biodiverzity. Upozorňuje národy, aby identifikovaly a monitorovaly svou biodiverzitu s cílem zachovat, organizovat a užívat výsledná data a začlenit konzervaci a užití biologických zdrojů do národních programů (Urban, 1997).

## **2. 2. 6. Měření druhové rozmanitosti**

Biologové potřebují určit, kde se nacházejí místa s vysokou druhovou diverzitou. Měření druhové rozmanitosti můžeme dělit do tří úrovní. Tím jsou alfa diverzita, beta diverzita a poslední je gama diverzita (Primack, 2001).

Alfa diverzita – na nejjednodušší úrovni je druhová diverzita, která je definována jako počet druhů nalezený v daném společenstvu nebo stanovišti. Alfa diverzitu lze využívat ke srovnání počtu druhů v různých zeměpisných oblastech nebo přírodních společenstvech (Primack, 2011). Kromě počtu druhů ve společenstvu může být vyjádřena některým z indexů diverzity, např.:

Simpsonův index diverzity – index zjišťuje, zda jsou ve společenstvu přítomny silně dominantní druhy nebo je společenstvo spíše vyrovnané. Simpsonův index hodnotí významnost druhu a dává větší váhu běžným druhům na úkor druhů vzácných (Kovář, 2000).

$$D = \sum_{i=1}^S \frac{n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$$

D - index diverzity,  $n_i$  - počet téhož druhu  $i$  - tého druhu a N - celkový počet jedinců

Shannon – Weaverův index – spojuje složku druhové bohatosti a složku vyrovnanosti a je závislý na velikosti plochy. Hodnota indexu roste s počtem druhů a s vyrovnaností. Index je možné vyjádřit také jako vyrovnanost společenstva. Hlavní nevýhodou indexu je, že nelze kontrolovat, jestli jsou výsledné hodnoty zapříčiněny počtem druhů nebo vyrovnaností (Kovář, 2000).

$$H = -\sum_{i=1}^S p_i \ln p_i \quad p_i = \frac{n_i}{N}$$

S – celkový počet druhů,  $n_i$  – počet jedinců,  $i$  – tého druhu a N – celkový počet jedinců

Beta diverzita – definujeme jako změnu druhového složení mezi společenstvy. Nejjednodušeji jí lze vyjádřit podle Whittakera jako poměr druhové diverzity všech společenstev poměru jednotlivých diverzit. Beta diverzita popisuje strukturální komplexitu prostředí, je mírou rozdílnosti druhového složení mezi společenstvy podél určitého gradientu prostředí nebo zeměpisné šířky nebo mezi společenstvem a jeho okolím (Kovář, 2000). Využívají se indexy podobnosti např.:

Jaccardův index – je nejstarší index, který vyjadřuje podobnost druhového složení dvou společenstev. Jednoduše porovnává počet druhů v jednotlivých společenstvech (A, B) s počtem druhů společných oběma společenstvím (Kovář, 2000).

$$IS_J = \frac{c}{A + B - c} \cdot 100$$

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

Sorensenův index – je nejnovější index a vychází z Jaccardova indexu (Kovář, 2000)

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

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

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

### **2. 2. 7. Faktory ovlivňující diverzitu**

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

Na nejnižší úrovni se projevují především dostupnost a rozmístění zdrojů. S rostoucím množstvím zdrojů roste počet druhů schopných přežít v prostředí, ale zároveň se zvyšuje intenzita kompetice. Na vyšších úrovních lze pozorovat pokles diverzity s rostoucí nadmořskou výškou, tedy i s měnícím se mezoklimatem. Stále má výrazný vliv produktivita, která se projevuje disturbancí např. lesní požáry (Townsend et al., 1997).

Na nejvyšší úrovni je prokazatelné, že diverzita klesá spolu s rostoucí zeměpisnou šířkou. Jedná se o velmi komplexní faktor, zahrnující často i protichůdné procesy (Townsend et al., 1997)

### **2. 2. 8. Genetická variabilita, její charakteristika a význam**

V roce 1910 popsali variaci výstižně E. W. Sinnott L. C. Dunn: „...Jakkoli jsou si jedinci dědičně podobní, nikdy nejsou přesně stejní. Nikdy nejsou dva

sourozenci přesně stejní, ale každý má své vlastní určité zvláštnosti. Tyto rozdíly se obecně nazývají variace. Mnoho z nich je způsobeno rozdělováním znaků mezi různé potomky podle určité metody dědičnosti. Mnoho jiných je však způsobeno rozdíly v teplotě, světle, vlhkosti a dalších faktorech v prostředí ...“ (Relichová, 1997).

Je známo, že variabilita mezi jedinci má svou složku dědičnou, podmíněnou geny, a složku nedědičnou, podmíněnou prostředím (Relichová, 1997).

Genetická diverzita vyjadřuje rozmanitost genů v rámci populací a druhů. Zahrnuje odlišné populace v rámci jednoho druhu a rozdílné jedince v rámci určité populace. Genetická variabilita představuje nezbytný předpoklad pro udržení evolučních procesů v rámci druhu tím, že umožňuje přizpůsobení druhů měnícím se podmínkám prostředí (Vačkář, 2005).

Genetická diverzita patří mezi faktory, které přispívají k charakteru a zdraví ekosystémů. Význam genetické rozmanitosti vůči jiným faktorům např. demografii, reprodukci, se liší podle taxonu, umístění, ročního období atd. Každý druh má svou jedinečnou životní historii a jedinečné ekologické vztahy, jsou výsledné genetické složení a význam genů životaschopnosti a udržitelnosti jedinečné (Rogers, et al, 1996).

Ke zvýšení genetické rozmanitosti mohou přispět nově vznikající varianty genů, mutantní alely. Mutace jsou jediným zdrojem nové genetické informace, ale k vzhledem k jejich velmi nízké spontánní četnosti a k dalším faktorům hrají samostatné mutace nevýznamnou roli při vytváření genetické variability v populacích (Relichová, 1997).

Genetická variabilita je dána především samotným obrovským množstvím genetické informace zakódované v molekulách DNA (deoxyribonukleové kyseliny) přítomných v jádrech buněk ve formě chromozomů. Molekuly DNA musí uchovávat a reprodukovat svoji genetickou informaci téměř bezchybně, nejen pro udržení své druhové identity, ale také pro samotné přežití (Relichová, 1997).

### **2. 2. 9. Genetická diverzita hospodářských zvířat**

Genetická diverzita hospodářských zvířat, jako integrální část biodiverzity a součást přírodního i kulturního světového dědictví, je ohrožena globalizací trhu a rozšířením vysoce přeměněných, vyšlechtěných plemen na rozsáhlých územích (Lipský 1999).

Genetická diverzita je nezbytná pro genetické změny v biologické populaci. Genetická diverzita umožňuje trvalou schopnost plemene nebo populace reagovat na výběr pro zvýšení produktivity a pro přizpůsobení měnícím se podmínkám životního prostředí, včetně nejen těchto podmínek souvisejících s klimatem, ale také ke změnám na trzích, správách a chovatelských postupech, a onemocnění. Na druhé straně, zachování rozmanitosti pomáhá zajistit dlouhodobou bezpečnost produkce potravin (Boettcher et al., 2010).

Chov hybridů s totožnými genetickými vlastnostmi (pocházejícími od stejných rodičů), je velmi riskantní z hlediska uchování genetické diverzity (Lipský, 1999). Genetická diverzita hospodářských zvířat je nutná, aby vyhovovala současným potřebám výroby v různých prostředích. Umožňuje trvalé genetické zlepšení a usnadnění rychlého přizpůsobení se změně chovných cílů (Notter, 1999).

V posledních stoletích vyvrcholil vznik mnoha dobře definovaných plemen používaných pro různé účely s různými úrovněmi výkonu. Během posledních desetiletí vývoje a zvýšené zaměření na efektivnější výběrové programy, zrychlil genetické zlepšení v řadě plemen. Umělé oplodnění a přenos embryí usnadnily šíření genetického materiálu (Groeneveld et al., 2010).

## **2. 3. Využití molekulární genetiky v hodnocení zvířat**

### **2. 3. 1. Genetické markery, rozdělení markerů**

Krátce poté, co byl uznán potenciál lidských krevních skupin k odhalení aspektů lidské historie a rozmanitosti, byly podobné přístupy aplikovány na hospodářská zvířata. Neutrální genetické markery byly uznány jako relevantní k určení evoluční odlišnosti plemen (Hall et al., 2012).

Genetický marker je gen nebo úsek chromozomu, který se používá jako orientační bod k mapování nových mutací (Rosypal, 2001).

Genetický marker je známa sekvence DNA, která je jednoduše identifikována. Lze jí popsat jako jistý druh variace, která způsobuje mutaci nebo pozměňuje původní sekvenci, která se sleduje na předem daném místě. Může za to krátká sekvence DNA. Genetický marker je vysoce polymorfní znak, který vykazuje mendelistickou kodominantní dědičnost, je snadno a jednoznačně detekovatelná. Oproti klasickým markerům mají molekulárně-genetické markery výhodu, že jsou početné a relativně snadno identifikovatelné. Jsou vysoce informativní a mohou být snadno z malého množství tkáně v libovolném věku jedince a DNA může být dlouhodobě archivována a lze se tak k analýze vracet (Knoll, Vykoukalová, 2002).

Rozdělení markerů podle typů: (Knoll, Vykoukalová, 2002)

- I. Typ – jsou kódující exprimované geny, mohou být kandidátními geny pro QTL (Quantitative Trait Loci). Tyto geny mají nízkou hladinu polymorfismu a jsou málo používané pro studie diverzity rodin a populací. Významně se používají ve srovnávacím neboli komparativním mapování.
- II. Typ – jsou vysoce variabilní sekvence DNA, které se využívají především mikro a minisatelity. Vlivem vysokého stupně polymorfismu (velký počet alel) jsou mikrosatelity vysoce informativní v populačních studiích a při určování rodičovství a jsou základem pro vazbové mapování genů. Tyto markery nemají přímo vliv na variabilitu znaku, ale mohou být ve vazbě s QTL.
- III. Typ - jsou jednonukleotidové polymorfizmy, které mohou ležet uvnitř kódujících genů, ale častěji nacházejí v nekódujících intronech nebo intergenových oblastech. Jsou uživatelné pro populační a rodinné studie. Význam získávají s rozvojem automatických metod screeningu.

Rozdělení markerů dle charakteru polymorfizmu: (Knoll, Vykoukalová, 2002)

- I. Polymorfizmus délky restričních fragmentů (RFLP – Restriction Fragment length Polymorphism.).
- II. Polymorfizmus v délce sekvence (SSLP – Simple Sequence Length Polymorphism). Zahrnuje mikrosatelity a minisatelity. Patří sem i vzácně se vyskytující delece nebo inserce v intronové části způsobené např. transpozony.
- III. Polymorfizmus jednotlivých nukleotidů (SNP – Single Nucleotide Polymorphism). Jedná se o bodové mutace

### **2. 3. 2. Využití markerů v selekci**

Rozvoj molekulárně biologických technik vytvořil nové možnosti pro výběr a šlechtění hospodářských zvířat. Objev polymerázové řetězové reakce (PCR) měl velký vliv na výzkum eukaryotických genomů a přispěl k rozvoji a využití různých DNA markerů. DNA markery již našly široké uplatnění v ověření rodičovství, individuální identifikaci a kontrole genetických poruch (Van Marle-Koster, 2003).

V posledním desetiletí, rozsáhlý vývoj a používání vysoce polymorfních molekulárních markerů na volně žijící populaci se ukázalo jako vysoce ceněné. Odhadování genetického základu fenotypových znaků a selekčních tlaků, které na ně působí, mají zásadní význam pro náš vývoj a zachování volně žijících populací. Získávání evolučních souvisejících parametrů, není snadný úkol, protože vyžaduje přesné informace u obou příbuzných mezi jedinci a jejich chovatelských úspěchů. Polymorfní molekulární markery jsou velmi užitečné pro odhad příbuznosti mezi jednotlivci a analýzy rodičů jsou nyní široce používány ve většině taxonů (Garant, Kruuk, 2005).

### **2. 3. 3. Mikrosatelity**

V posledních deseti letech se mikrosatelity se vyvinuly do jednoho z nejpopulárnějších genetických markerů (Schlotterer, 2000).

Mikrosatelity jsou sekvence DNA složené pouze z jedné nebo několika tandemově se opakujících se nukleotidů (Tóth, 2000). Díky své struktuře bývají někdy mikrosatelity označovány jako krátké tandemové repetice (STRs – short tandem repeats) nebo repetice jednoduchých sekvencí (SSRs – simple sequence repeats) (Zima, et al., 2004). Mikrosatelity jsou součástí genomu prokaryotických

a eukaryotických organismů a nacházejí se jak v kódujících, tak i nekódujících oblastech (Zane et al., 2002).

Podle délky repetice se mikrosatelity dělí na dinukleotidové (např. CACACACA), trinukleotidové (např. ATGATGATGATG) a tetranukleotidové (např. CATGCATGCATGCATG) (Zima et al., 2004). Většinu mikrosatelitů v genomu (30 – 60%) tvoří pravděpodobně dinukleotidové repetice (Toth et al., 2000).

Rozlišujeme, také různé typy mikrosatelitů. Úplné neboli dokonalé, které obsahují pouze jeden opakující se motiv, který není nikde přerušen (např. CACACACACACA). Dále existují neúplné neboli nedokonalé mikrosatelity, kde je repetice přerušena jednou jinou bází (např. CTCTCTGTCTCTCT). Dalším typem jsou složené mikrosatelity, které jsou sestavené ze dvou a více přiléhajících mikrosatelitů s odlišným typem repetice (např. CACACATGTGTG). Nakonec mikrosatelity přerušované, ve kterých se nachází inzerce malého počtu bází, které nenásledují strukturu repetice (např. CACACATTCACACATTCACA) (Goldstein, Schlotterer, 1999).

Mikrosatelity se využívají jako vysoce informativní genetické markery při analýzách populací, které umožňují detekci případů porušení genetické rovnováhy v důsledku selekce, migrace, náhodného genetického driftu, stejně jako stanovené stupně inbreedingu. Variabilita mikrosatelitů se využívá ke stanovení genetické diverzity to je zjišťování heterozygotnosti, genové diverzity nebo genetické rozdílnosti (Dovc et al., 2006).

Výhodou mikrosatelitů je vysoká proměnlivost, početnost v genomu a jednoduchá analýza (Zima et al., 2004).

#### **2. 3. 4. Minisatelitey**

Minisatelity jsou oblasti genomu tvořící tandemově se opakující sekvence. V genu nejsou rozloženy rovnoměrně, ale jsou lokalizovány na koncích chromozomů. Velikost jednotky repetice se pohybuje v rozmezí 6 až 100 párů bází. Minisatelity jsou oblasti vykazující stupeň polymorfismu, liší se počtem opakování, proto bývají označovány jako VNTRs (variable number of tandem repeat). Jelikož jsou minisatelity pro charakteristické pro jednotlivce, staly se nástrojem při genetických analýzách (Ramel, 1997).



### 2. 3. 5. Mutace

Mutace jsou obecně náhlé změny genetické informace a změny jejího přenosu v organismu. Obecně se rozlišují mutace genové, chromozomové a genomové (Urban, Vyhnánek, 2006).

Chromozomová mutace postihuje větší úseky DNA, mění počet a polohu genů týkající se strukturní změny chromozomů různé úrovně, od cytologicky dobře viditelných zlomů a přestaveb až po submikroskopické. Chromozomové mutace jsou většinou nevratné (Urban, Vyhnánek, 2006).

Genomové mutace jsou změny počtu chromozomů některých chromozomů nebo celých chromozomových sad (Urban, Vyhnánek, 2006).

Genová mutace je dědičná změna genetické informace, jejíž molekulární podstatou je nukleotidová substituce, delece nebo inserce v řetězci DNA. Alelu příslušného genu převládající v přírodní populaci označujeme jako standardní alelu a od ní se mutací odvozuje mutantní alela. Fenotypu standardní alely odpovídá standardní fenotyp a mutantní alele fenotyp mutantní. Jsou však mutantní alely, které se ve fenotypu neprojeví. Nazýváme je tiché mutace (Urban, Vyhnánek, 2006).

Mutace mohou v přírodě vznikat samovolně, v takovém případě mluvíme o mutacích spontánních, jejichž procento výskytu je velmi nízké (Urban, Vyhnánek, 2006).

Mutace jsou náhodné a neusměrněné změny genotypu. U organismů je mutační změna velmi vzácnou událostí. Četnost vzniku mutací lze však zvýšit působením faktorů, které označujeme jako mutageny. Mutageny jsou fyzikální nebo chemické prostředky, které zvyšují četnost mutací (Nečásek, 1993).

## 2. 4. Metody hodnocení genetické diverzity hospodářských zvířat

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

### 2. 4. 1. Heterozygotnost

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

Heterozygotnost je odhad podílu genů, které jsou u průměrného jedince heterozygotní. Průměrnou heterozygotnost získáme sečtením všech heterozygotních jedinců pro každý gen, podělením tohoto součtu celkovým počtem jedinců a zprůměrováním výsledku přes počet všech zkoumaných genů (Zima, 2004).

Heterozygotnost teoretická

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

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

$p_{ij}$  – četnost  $j$ -té alely na  $i$ -tém lokusu,  $n_i$  – počet alel alternujících na  $i$ -tém lokusu

Heterozygotnost experimentální

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

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

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

## Standardizovaná heterozygotnost

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

$$h_{is} = \frac{h_i}{(n_1) - n_i} = h_i / h_{max} n_i$$

$n_i$  – počet alel alternujících na  $i$ -tém lokusu,  $h_i$  – odhad heterozygotnosti

## Efektivní počet alel

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

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

$n_i$  – počet alel  $j$  segrujících na lokusu  $i$

## Průměrná heterozygotnost

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

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

$r$  – počet lokusů  $i$ ,  $h_{i-exp}$  – heterozygotnost daného lokusu  $i$

## Polymorfni informační obsah (PIC)

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

$p_i$  – četnost  $i$ -té alely,  $n$  – počet alel, HET - heterozygotnost

Genetická variabilita populace je dána počtem genů, které mají více než jednu alelu v genomu jsou tzv. polymorfní, tak počtem alel každého polymorfního genu. Polymorfní geny umožňují jedincům v populaci být heterozygotními pro daný gen. To znamená, že musí obdržet od každého z rodičů jinou alelu tohoto genu (Richard, Thorpe, 2001).

#### **2. 4. 2. Polymorfismus**

Polymorfismus je chápán jako výskyt více než dvou alternativních alelických variant určeného genu v populaci. Pokud v genu není detekována ani klasická alternativní podvojná forma genu a to dialelismus, jedná se o gen monomorfní. Pokud v genu alternují dvě alely, označujeme se takový případ jako jednoduchý alpismus. Jestliže má gen více forem tvořících tzv. alelickou, jde o mnohotný alpismus. Mnohotný alpismus je základem genetického polymorfizmu. Polymorfismus můžeme pozorovat na úrovni DNA, proteinů a jednodušeji dědičných znaků (Hruban, Majzlík, 2000).

Polymorfismus zároveň mění evoluční potenciál populace a druhu. To znamená, že schopnost populace a druhu odpovídá na krátkodobé selekční tlaky prostředí. Přítomnost polymorfismu zvyšuje schopnost populace reagovat na krátkodobé tlaky prostředí, protože poskytuje selekci genetický materiál, ze kterého může vybírat vhodné varianty, lépe odpovídat změněným podmínkám prostředí. Selektce nemusí čekat na vznik nových mutací a může využívat již přítomnou variabilitu (Flegr, 2005).

## **2. 5. Národní program, genetické zdroje zvířat**

### **2. 5. 1. Plemenné knihy**

Plemenné knihy slouží k registraci všech zvířat daného druhu, která jsou chována člověkem. S jejich pomocí lze sestavovat chovné skupiny tak, aby nedocházelo k příbuzenskému křížení. Plemenná kniha je nástroj, který pomáhá řídit chov určitého druhu zvířete (Zoo Praha, 2013).

Od roku 1993 se v ČR změnil účel a náplň plemenné knihy. Na základě zákona 240/91 Sb. o šlechtění a plemenitbě hospodářských zvířat pověřilo Ministerstvo zemědělství ČR od roku 1993 vedením plemenné knihy jednotlivé chovatelské svazy (Urban, 1997).

Součástí Řádu plemenné knihy je i finanční řád, který byl zpracován v souladu s platnými směrnici a rozhodnutími rady a komise Evropské unie. Vytváří se rovnocenný systém plemenné knihy vedených v členských zemích EU, umožňující srovnatelnost, obecné uznání výsledků a produktů domácího šlechtění a mezinárodní výměnu genofondu (Urban, 1997).

Do plemenné knihy, a tedy i do rejstříku chovů mohou být zapsány chovy jen na základě závazné přihlášky majitele. Za chov evidovaný v plemenné knize se považuje soubor krav stejného plemene, jednoho majitele, ustájených v jedné stáji nebo souboru stájí jedné farmy. Svaz může odmítnout nebo pozastavit evidenci v rejstříku chovu např. zdravotní stav, hrubé závady v evidenci a označování zvířat, nedodržení zákonných předpisů a Řádu plemenné knihy apod. (Urban, 1997).

Plemenná kniha českého strakatého skotu je vedena dle Řádu Plemenné knihy od roku 1994. Byla zpracována v souladu s příslušnými závaznými směrnici a rozhodnutími rady a komise Evropského společenství. Členem je i Česká republika, která vychází ze závěrů a doporučení mezinárodních sdružení chovatelů strakatého skotu. Systém vedení plemenné knihy vytváří předpoklady pro srovnatelnost i obecné uznání výsledků a produktů domácího šlechtění, ale také pro mezinárodní výměnu genofondu (Svaz chovatelů českého strakatého).

Účelem plemenné knihy, jejímž nositelem je Svaz chovatelů českého strakatého skotu, je cílevědomé a soustavné zdokonalování genetické úrovně celé strakaté populace tak, aby na každé úrovni chovu bylo dosahováno optimální výkonnosti plemene, jeho hospodárnosti a konkurenční schopnosti (Svaz chovatelů českého strakatého skotu).

Plemena mimo Národní program, která jsou natolik rozšířená a početná, aby mohla autonomně existovat v čistokrevné podobě, mají své plemenářské programy a evidují se v plemenných knihách. Vedením plemenných knih a plemenářská evidencí jsou pověřena příslušná chovatelská sdružení (Roudná, 2004).

## 2. 5. 2. Plemena skotu chována v ČR

Přehled plemen evidovaných v České republice (Hinrich, 2006):

Masná plemena – charolais, limousin, hereford, galloway, aberdeen angus, piemontese, belgické modré, gasconne, masný simentál, salers, highland, blonde d' aguitaine

Mléčná plemena - holštýnské, ayeshire, jersey

Kombinovaná plemena – české strakaté, česká červinka, montbeliard

### 2. 5. 2. 1. Masná plemena skotu

V ČR dochází k intenzivnímu rozvoji masného skotu až od roku 1991. Za přispění účelových dotací Ministerstva zemědělství (Mze) bylo dovezeno ze zahraničí množství čistokrevných chovných zvířat. V republice je v současné době chováno celkem 12 plemen (Teslík, 2000).

Tabulka č. 5 Stavby masných plemen skotu (Ročenka, 2014)

Plemeno	K 30. 9. 2013	K 30. 4. 2014
Masný simmentál	22 815	24 690
Charolais	17 443	19 401
Aberdeen Argus	15 565	17 211
Limusin	6 727	7 710
Hereford	4 168	4 261
Blonde d Aquitaine	2 478	2 474
Highland	2 192	2 208
Gasconne	1 796	1 956
Galloway	1 549	1 531
Piemontese	1 034	1 091
Salers	703	735
Celkem	76 470	83 268

## Charolais

Plemeno vzniklo na přelomu 18. a 19. století ve Francii. Plemenná kniha byla založená v roce 1864. Významnou vlastností je plodnost, dlouhověkost a dobré zdraví, bez geneticky podmíněných poruch (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>1</sub>). Charolais má větší tělesný rámec s velkou hloubkou a šířkou těla. Býk má kohoutkovou výšku od 142 do 150 cm a hmotnost 1100 až 1300 kg, kráva má kohoutkovou výšku od 135 do 140 cm a hmotnost od 700 do 850 kg. (Hinrich, 2006). Charolais je vhodné zejména pro intenzivní výkrm, kde lze docílit denním přírůstek až 1500 g. Jatečná výtěžnost dosahuje 63 až 65 % (Teslík, 2000). Zbarvení je bílé až krémové, které je pro toto plemeno charakteristické. Mulec má růžový a paznehty světlé. Hlavu má kratší a širokou, bedra a kýty silně osvalené (Hinrich, 2006).

Obr. č. 1 – viz příloha

## Limousin

Plemeno limousin vzniklo v oblasti jihozápadní Francie. Je to oblast klimaticky poměrně drsná, nadmořská výška dosahuje až k 1000 metrů (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>2</sub>). Limouzin má střední až větší tělesný rámec, pravoúhlého tělesného formátu. Všechny zmasilé části těla jsou silně osvalené. Býk má kohoutkovou výšku od 140 do 148 cm a hmotnost od 1000 do 1200 kg, kráva má kohoutkovou výšku od 132 do 138 cm a hmotnost od 600 do 750 kg (Hinrich, 2006). Zbarvení zvířat je pláštěvé červené až plavé barvy se světlejším odstínem srsti okolo mulce, očí a na končetinách. Denní přírůstky čisté svaloviny činí 620 g. Jateční zvířata vykazují vysokou jatečnou výtěžnost 63% a mají vynikající kvalitu masa (Teslík, 2000).

Obr. č. 2 – viz příloha

## Hereford

Herefordský skot byl vyšlechtěn v Anglii a patří mezi nejstarší a nejrozšířenější masná plemena ve světě (Teslík, 2000). Můžeme se s ním setkat ve všech klimatických oblastech světa. Je vysoce adaptabilní a vyniká značnou zdravotní odolností a nenáročností na přírodní prostředí (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>3</sub>). Hereford je masné plemeno středního rámce. Základní zbarvení je červené, bílá hlava a spodní část krku, hrud', spodní strana břicha, vemeno, popř.

šourek, chvost ocasu, spodní část nohou a úzký pruh na horní straně krku až ke kohoutku (Hinrich, 2006).

Obr. č. 3 – viz příloha

#### Galloway

Plemeno galloway vzniklo v jihozápadním Skotsku a je nejstarším ve Velké Británii (Hinrich, 2006). Stáda se pásala v údolích řek, na orných půdách, přirozených pastvinách, lesních pasekách i ve vysokých horách. Díky tomu získalo plemeno nesmírnou odolnost a tvrdost. V roce 1991 byla plemena dovezena do České republiky z Německa a také z Rakouska (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>4</sub>). Galloway se vyznačuje malým až středním tělesným rámcem. Srst je dlouhá, měkká a vlnitá s hustou podsadou. Zbarvení je černé, ale vyskytují se i zvířata nažloutle šedá až světle hnědá. Bílá zbarvení jsou výjimkou. Zvířata jsou bezrohá (Hinrich, 2006). Malému tělesnému rámcu odpovídá i kohoutková výška, která je u býku 125 cm a hmotnost dosahují 750 kg. U krav je kohoutková výška 120 cm a hmotnost je 500 kg. Nenáročnost plemene umožňuje celoroční pobyt zvířat na pastvinách (Teslík, 2000).

Obr. č. 4 – viz příloha

#### Aberdeen angus

Aberdeen angus je nejrozšířenější masné plemeno chované na všech kontinentech a kolébkou plemene je severovýchodní Skotsko (Teslík, 2000). Zbarvení je černé. Zvířata mají hluboké tělo, krátké končetiny, trup je válcovitého tvaru a má obdélníkový tvar těla. Hlava je malá a bezrohá (Hinrich, 2006). Dospělí býci mají v kohoutku 145 cm a hmotnost 1050kg. Krávy dosahují výšky v kohoutku průměrně 134 cm a hmotnosti 600 kg (Teslík, 2000). Zvířata jsou odolná proti drsným povětrnostním podmínkám, nenáročná a přizpůsobivá (Hinrich, 2006). Jatečná výtěžnost zvířat je 61 % (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>5</sub>).

Obr. č. 5 – viz příloha

#### Piemontese

Piemontese má svůj původ v severozápadní části Itálie v podhůří Savojských Alp (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>6</sub>). Plemeno je středně velké. Krávy jsou světle šedé s tmavým mulcem, vulvou a konečníkem. Býci jsou tmavší, zejména



na lopatkách a ramenou, v okolí očí a na chvostu ocasu. Zvířata jsou rohatá. Dospělí býci dosahují kohoutkovou výšku 140 cm a hmotnost 1000 kg. Krávy dosahují kohoutkovou výšku 130 cm a hmotnost 700 kg. Býci dosahují vysokých přírůstků až 1480 g a jateční výtěžnosti 68% (Hinrich, 2006).

Obr. č. 6 – viz příloha

#### Belgické modré

První zmínky o modře zbarveném skotu sahají do 19. století do oblasti řek Meuse a Escaut v Belgii. Plemeno vznikalo především za pomoci plemene shorthorn (Český svaz chovatelů masného skotu<sup>7</sup>). Belgické modré se řadí do středně velkého tělesného rámce, s masivním osvalením. Zbarvení je bílé a strakatě modrobílé. Dospělí býci dosahují kohoutkovou výšku 150 cm a hmotnosti 1200 kg. Krávy dosahují výšku v kohoutku 140 cm a hmotnost 800 kg. Průměrné denní přírůstky činí 1300 g a jateční výtěžnost dosahuje až 65 %. (Hinrich, 2006).

Obr. č. 7 – viz příloha

#### Gasconne

Domovina plemene je Gaskoňsko, krajina jižní Francie. Plemeno má vrozenou tvrdost a odolnost umožňuje pastvu i na chudé vegetaci na kamenité půdě a strmých svazích hor (Teslík, 2000). Černé sliznice umožňují vysokou toleranci zvířat na sluneční záření (Český svaz chovatelů masného skotu<sup>8</sup>). Zbarvení zvířat je světle šedé, plášt'ové s krátkou srstí. Zvířata dosahují středního až většího tělesného rámce. Dospělí býci dosahují výšky v kohoutku 145 cm a hmotnost 1000 kg. Krávy dosahují výšky v kohoutku 135 cm a hmotnost 650 kg. Jatečnou výtěžnost dosahuje až 64%. Maso je velmi dobré kvality z nízkým obsahem cholesterolu (Teslík, 2000).

Obr. č. 8 – viz příloha

#### Masný simentál

Zemí původu simentálského skotu je Švýcarsko. Toto plemeno původně s kombinovanou užitkovostí bylo v některých zemích cílevědomě šlechtěno na jednostrannou masnou užitkovost (Teslík, 2000). Plemeno má větší tělesný rámec se silnějšími končetinami, s výrazným osvalením a výbornými jatečními vlastnostmi. Zbarvení je červenostrakaté až plášt'ové v odstínu žemlové až tmavě červené. Hlava je bílá, mnohdy s barevnými odznaky, mulec mají růžový. Zvířata jsou rohatá, ale

vyskytují se i v menším rozsahu i bezrohá. Dospělí býci dosahují výšku v kohoutku 156 cm a hmotnosti 1300 kg. Krávy dosahují výšku v kohoutku 142 cm a hmotnost 800 kg. U býků dosahují průměrné denní přírůstky 1450 g, jatečná výtěžnost u výkrmových býků činí 62 % (Hinrich, 2006).

Obr. č. 9 – viz příloha

### Salers

Salers pochází z jihozápadní Francie. Jedná se o plemeno velkého tělesného rámce. Charakteristické je celoplášťové zbarvení mahagonového odstínu (Teslík, 2000). Nápadná je dlouhá a zkadeřená srst. Sliznice a mulec jsou světlé. Hlava je široká s lyrovitě utvářenými rohy postavenými převážně daleko vně. Chvost ocasu je bílý (Hinrich, 2006). Býci dosahují hmotnosti přes 1000 kg a kohoutkové výšky 150 až 155 cm. Krávy mají hmotnost 750 až 800 kg a výšku těla 140 až 145 cm (Teslík, 2000). Zvířata jsou chodivá, houževnatá, nenáročná a dlouhověká. Denní přírůstky býků dosahují 1220 g při jateční výtěžnosti 60% (Hinrich, 2006).

Obr. č. 10 – viz příloha

### Skotský náhorní skot (Highland)

Zemí původu je Skotsko a oblast původu se lokalizuje na severozápadní část (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>9</sub>). Chov tohoto skotu nebyl ovlivňován moderními selekčními postupy, a proto je jeho vzhled prakticky shodný s obdobím před sto lety. Tvrdé podmínky, skromná pastva a celoroční volný pobyt v přírodě příznivě ovlivnily odolnost a zdraví skotu. (Teslík, 2000). Plemeno je malého tělesného rámce. Zbarvení je červenohnědé, tmavě hnědé nebo žlutavé, jen vzácně černé, bílé nebo strakaté. Srst je dlouhá a neuspořádaná. Hlava je krátká a širší. Rohy jsou dlouhé, do stran a nahoru zahnuté. Končetiny jsou krátké a silné (Hinrich, 2006). Plemenní býci dosahují hmotnosti kolem 600 kg a výšky těla do 125 cm. Hmotnost dospělých krav se pohybuje do 450 kg při kohoutkové výšce 115 cm (Teslík, 2000).

Obr. č. 11 – viz příloha

### Blonde d' Aquitaine

Plemeno blonde d' Aquitaine je plemeno poměrně mladé a pochází z jihozápadní Francie (Český svaz chovatelů masného skotu<sub>10</sub>). Plemeno velkého

tělesného rámce o mimořádně délce těla. Hlava je relativně malá. Srst je jednobarevně světlá až pšeničné barvy a prosvětlení okolo mulce a očí. Osvalení je na všech masitých částech velmi dobře vyvinuté. Končetiny jsou jemné, rohy voskově žluté s tmavými hroty. Dospělí býci dosahují výšky v kohoutku až 160 cm a hmotnost 1300 kg. Krávy dosahují výšky v kohoutku 145 cm a hmotnost až 900 kg. Zvířata jsou nenáročná, robustní, přizpůsobivá a dlouhověká. Denní přírůstek u býků činí 1400 g a jatečná výtěžnost dosahuje 63% (Hinrich, 2006).

Obr. č. 12 – viz příloha

### 2. 5. 2. 2. Mléčná plemena skotu

Tabulka č. 6 Stavby mléčných plemen skotu (Ročenka, 2014)

Plemeno	k 30. 9. 2013	k 30. 4. 2014
Holštýnské	367 725	369 087
Jersey	1 380	1 393
Ayrshire	177	161

#### Ayrshire

Ayrshire je staré plemeno pocházející z hornatého Skotska. Plemeno lze charakterizovat jako menšího až středního tělesného rámce. (Urban, 1997). Zbarvení je hnědobílé nebo červenobílé strakaté, občas téměř bílé. Hlava je převážně pigmentovaná s lysinou. Dospělí býk má kohoutkovou výšku 140 cm a hmotnost do 950 kg. Kráva má výšku v kohoutku 135 cm a hmotnost do 620 kg (Hinrich, 2006). Pro plemeno je typické vlastnosti, jako je skromnost, odolnost, dobrá pastevní schopnost, plodnost a dlouhověkost (Urban, 1997). Průměrná roční užitkovost v České republice je 6240 kg mléka při průměrném obsahu 4, 2 % tuků a 3, 4% bílkovin (Hinrich 2006).

Obr. č. 13 – viz příloha

#### Jersey

Domovem jerseykého skotu je ostrov stejného jména v Lamanšském průlivu (Urban, 1997). Plemeno je menšího tělesného rámce s vynikajícím mléčným užitkovým typem, ale má slabé osvalení. Zbarvení srsti značně kolísá: existují jak žlutohnědá až světle červená, tak i krémově zbarvená a téměř černá zvířata, náhodně také strakatá. Na hlavě, ramenou a kyčlích je téměř vždy tmavší zbarvení. Tmavý

mulec je téměř vždy obrouben. Zvířata jsou rohatá. Dospělí býci dosahují v kohoutkové výšce až 130 cm a hmotnosti 700 kg. Krávy dosahují výšky v kohoutku 125 cm a hmotnost do 450 kg. V kontrole užitkovosti dosahuje roční produkce v České republice 5100 kg mléka s průměrným obsahem 5,8 % tuku a 4,0 % bílkovin (Hinrich, 2006).

Obr. č. 14 – viz příloha

### Holštýnské

Holštýnský skot vznikl v nížinných oblastech od Holandska až po Dánsko. Plemeno je středního tělesného rámce. Zbarvení plemene je černostrakaté, černá hlava s bílými odznaky, oči jsou rámované pigmentovanou pokožkou. Dospělí býci dosahují výšky v kohoutku 165 cm a hmotnost činí až 1200 kg. Krávy dosahují výšky v kohoutku 148 cm a hmotnost až 700 kg. Roční užitkovost krav v České republice dosahuje 7600 kg mléka při průměrném obsahu 4,1 % tuků a 3,3 % bílkovin (Hinrich, 2006).

Obr. č. 15 – viz příloha

### 2. 5. 2. 3. Kombinovaná plemena skotu

#### Montbeliard

Plemeno Montbeliard patří mezi horská strakatá plemena (Hinrich, 2006). Odvozuje svůj původ od simentálského a bernského plemene, kterého do Francie přivedli v 18. století protestantští mniši. Montbeliardské plemeno je většího tělesného rámce (Urban, 1997). Býci dosahují výšky v kohoutku do 158 cm a hmotnost 1000 až 1200 kg. Dospělé krávy dosahují výšky v kohoutku 140 až 144 cm a hmotnost 650 až 750 kg. Zbarvení je červenostrakaté a je mnohdy s větším zastoupením bílé barvy. Hlava je bílá s malým výskytem zbarvení okolo očí. Spodní části končetin jsou také bílé. Předností plemene je pravidelné, prostorné a žlázaté vemeno s dlouhou základnou a vysokým upnutím. Průměrná mléčná užitkovost je 7333 kg mléka při 3,9 % tuků a 3,4 % bílkovin (Hinrich, 2006).

Tab. č. 7 Stav plemene Montbeliard (Ročenka, 2013)

k 30. 9. 2013	k 30. 4. 2014
5 853 ks	6 737 ks

Obr. č. 16 – viz příloha

### 2. 5. 3. Národní program (NP)

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

Program ochrany genofondu původních plemen od roku 1994 zpracovává studie o vývoji a současném stavu původních druhů a plemen hospodářských zvířat. Výstupem byla identifikace původních plemen a jejich lokalizace, shromáždění jejich dat pro základ pro budoucí databanku a návrh opatření k jejich uchování nebo regeneraci (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sub>1</sub>).

Ministerstvo zemědělství ČR vytvořilo a vyhláší Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství na období 5 let, které řídí a organizuje ochranu genetických zdrojů (eAgri zemědělství).

Národní program zahrnuje všechny aktivity nezbytné pro dlouhodobé uchování genetických zdrojů, jejich charakterizaci, dokumentaci a zajištění jejich dostupnosti uživatelům v České republice i v zahraničí (eAgri zemědělství).

Základním cílem NP je nejen zachování genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů pro současné i budoucí potřeby lidstva, ale také zachování kvality venkovského prostoru a udržení trvalého rozvoje agrárního sektoru. Posláním NP je garance mezinárodních závazků České republiky a příspěvek ke globálnímu úsilí o uchování a setrvalé využívání genetických zdrojů a biodiverzity (eAgri zemědělství).

Do genetických zdrojů hospodářských zvířat byla zahrnuta plemena skotu, ovcí a koz, koní, prasat, drůbeže, králíků, nutrií, sladkovodních ryb a včel, která mají původ nebo jsou dlouhodobě adaptována na území České republiky (Roudná, Dotlačil, 2007).

Tab. č. 8 Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství zahrnuje plemena: (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sub>1</sub>)

skotu	česká červinka, český strakatý skot
prasat	přeštické černostrakaté
ovcí	šumavská ovce, valašská ovce
koz	koza bílá krátkosrstá, koza hnědá krátkosrstá
koní	starokladrubský kůň, huculský kůň, slezský norik, českomoravský belgický kůň
králíků	český strakáč, český luštič, český albín, český červený, český černopesíkatý, moravský modrý, moravský bílý hnědooký
nutrií	přeštická vícebarevná, standardní nutrie českého typu, stříbrná nutrie
ryb	kapr obecný, pstruh duhový, pstruh obecný potoční, lín obecný, sumec velký, jeseter malý, vyza velká, síh peled', síh maréna
včel	včela kraňská

#### 2. 5. 4. Národní program ochrany

Ministerstvo zemědělství České republiky stanovuje Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu, zemědělství a lesní hospodářství ve smyslu Sdělení Ministerstva zahraničních věcí č. 134/1999 Sb., o sjednání Úmluvy o biologické rozmanitosti, zákona č. 148/2003 Sb., o konzervaci a využívání genetických zdrojů rostlin a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství a o změně zákona č. 368/1992 Sb., o správních poplatcích, ve znění pozdějších předpisů, (zákon o genetických zdrojích rostlin a mikroorganismů). Podle zákona č. 154/2000 Sb., o šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat (plemenářský zákon) (Mládek, 2006).

Národní program zabezpečuje všechny nezbytné aktivity, zejména shromáždění, evidenci, dokumentaci, charakterizace a hodnocení, regeneraci, dlouhodobé uchování a využívání výše uvedených genetických zdrojů. Součástí programu je rovněž zajištění služeb uživatelům genetických zdrojů v ČR i v zahraničí, poskytováním vzorků dostupných genetických zdrojů a relevantních informací za podmínek stanovených platnými mezinárodními dohodami a národními normami (Palas, 2003).

### **2. 5. 5. Hodnocení Národního programu**

Ministerstvo zemědělství provádí každoročně hodnocení NP na základě zpráv předaných pověřenou osobou. V hodnocení posuzuje rozsah uchovaných kolekcí (chovů sbírek) a úroveň práce s nimi, zejména pak počty nově získaných vzorků genetických zdrojů, regentovaných genetických zdrojů, vzorků předaných do genobanky poskytnutých uživatelům. Při hodnocení se dále posuzují údaje o souborech dat předaných účastníky NP do informačních systémů o genetických zdrojích a informace o výsledcích mezinárodní spolupráce v oblasti konzervace a využívání genetických zdrojů (Palas, 2003).

### **2. 5. 6. Financování Národního programu**

Finanční prostředky podporu NP jsou poskytovány ze státního rozpočtu prostřednictvím kapitoly ministerstva. Podmínky pro poskytování a čerpání finančních podpor na udržování a využívání genetických zdroj rostlin, mikroorganismů a zvířat jsou pro jednotlivé účastníky a pověřené osoby NP stanoveny v zásadách, které každoročně vydává ministerstvo. Finanční prostředky jsou jednotlivým účastníkům NP ministerstvem každoročně poskytovány na základě projednání a doporučení Rady genetických zdrojů příslušné pověřené osoby (Mládek, 2006).

### **2. 5. 7. Genetické zdroje zvířat a jejich význam**

Během posledních deseti let došlo k významnému pokroku v oblasti genetického výběru a zachování genetických zdrojů (Blackburn, 2012).

Genetické zdroje mají pro lidstvo nevyčísitelnou hodnotu, ať jsou využívány v tradičním zemědělství, konvenčním a moderním šlechtění nebo v genovém inženýrství. Jsou unikátním a nenahraditelným zdrojem genů a genových komplexů pro další genetické zlepšování biologického a hospodářského potenciálu produkčních organismů (rostlin, mikroorganismů a zvířat) v zemědělství a biotechnologiích. Dostupnost genetických zdrojů pro uživatele a dostatek informací o těchto zdrojích jsou při tom předpokladem jejich efektivního využití (Mládek, 2006).

Genetické zdroje představují genetický materiál, tj. materiál rostlinného, živočišného, mikrobiálního či jiného původu obsahující funkční jednotky dědičnosti, který má současné nebo i potencionální využití, proto je také někdy nazýváme genové rezervy (Roudná, Dotlačil et al, 2007).

Obecná definice Dohody o biologické rozmanitosti označuje za genetický zdroj živý materiál obsahující geny s bezprostřední nebo potenciální hodnotou lidstvo. Definice zahrnuje všechny kulturní plodiny, plemena, ale také jejich volně žijící příbuzné (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sub>2</sub>).

Genetické zdroje a jejich ochrana a udržitelné využívání jsou z hlediska dalšího rozvoje zemědělství velmi důležité. U spousty živých organismů lze nalézt jedinečné geny a vlastnosti, které hrají klíčovou roli při šlechtění nových produkčních odrůd a plemen, při adaptaci plodin na měnící se klimatické podmínky nebo pro nové průmyslové využití (eAgri Zemědělství).

V současné době je v Evropě ohrožena řada místních plemen hospodářských zvířat. Selektční tlak působí, že řada původních plemen jsou křížena nebo jsou postupně vyřazena z jejich chovu (Mácha, 1993).

Se zánikem původních plemen se ztrácí i cenné geny, které byly pro tato plemena typické a jejichž přítomnost v dědičném základu byla hlavní příčinou přizpůsobivosti místním podmínkám. Původní plemena je nutné udržovat jako zdroje genetické proměnlivosti pro zabezpečení realizace šlechtitelských a hybridizačních programů v chovu hospodářských zvířat (Hrouz et al., 1997).

Ohrožené plemeno navržené jako genový zdroj musí od ostatních plemen lišit v důležitých znacích, jako je velikost těla, barva srsti, specifické geny nebo krevní skupiny. Rozdíly musí být nejméně v jednom uvedených kritérií a alespoň tak velké, že je nelze intenzivní selekcí změnit za tři generace (Majerčiak et al., 1993).

### **2. 5. 8. Metoda ochrany genetických zdrojů**

Za hlavní způsob ochrany se považuje metoda *in situ*, tj. přímo v produkčních systémech, která umožňuje přirozený vývoj plemen adaptací na měnící se přírodní i technologické podmínky prostředí (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sub>3</sub>).

Další zdroje jsou udržovány *ex situ*, v genobankách, a to ve formě kryokonzervovaného reprodukčního materiálu (inseminační dávky, embrya, kmenové buňky, tkáně). Koordinační činnosti v oblasti genetických zdrojů hospodářských zvířat je v ČR pověřen Výzkumný ústav živočišné výroby Praha – Uhřetíněves. Národní středisko průběžně sleduje program kryokonzervace a užití metod molekulární genetiky pro monitoring a popis genetického materiálu všech



plemen zařazených do Národního programu. V Hradištku je umístěna kryobanka genetického materiálu plemen, které jsou zařazeny do Národního programu (Roudná, Dotlačil et al., 2007).

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

Základním cílem uchování genetických zdrojů je vždy zachování životaschopných genetických zdrojů, pro potřeby budoucích generací jen díky existující dotační podpoře státu (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sub>3</sub>).

## **2. 6. Genetický zdroj Český strakatý skot**

Český strakatý skot je zařazen od roku 2010 do Národního programu (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sup>4</sup>).

Obr. č. 17 – viz příloha

### **2. 6. 1. Vznik a vývoj**

Český strakatý skot (ČESTR) patří fylogeneticky do skupiny plemen evropského strakatého skotu, která je nejpočetnější a nejvýkonnější světovou populací skotu dvoustranného produkčního zaměření. Původní domácí plemena, náležející převážně do plemenné skupiny středoevropského červeného brachycerního skotu, byla křížena býky švýcarského frontosního skotu různých rázů a zčásti nahrazována přímými importy samičích zvířat. Vznikla řada regionálních rázů plemene, které byly od počátku 20. století postupně unifikovány do jednotné populace českého strakatého skotu označované v jednotlivých obdobích a oblastech různými názvy. Tento proces byl v meziválečném období v podstatě završen (Hřeben, 2013).

Plemenitba byla zajišťována převážně uvnitř plemene. Od poloviny padesátých let, a ve větším měřítku v průběhu šedesátých let, byl český strakatý skot zušlechťován ayrshirským skotem, nahrazovaným v další etapě plemenem Holstein. Od sedmdesátých let byla významná část populace českého strakatého skotu využívána v různých formách křížení s černostrakatým skotem. Postupně se soustředila do rozhodující formy vyhlazovacího křížení a tvoří početně rozhodující základnu populace černostrakatého skotu v ČR (Hřeben, 2013).

### **2. 6. 2. Stupeň ohrožení a důvody uchování**

Početní stavy původních českých linií ČESTR rychle ubývají, zejména v samčí části populace, ve které se v důsledku striktních požadavků na plemennou hodnotu a vyšší poptávce po podílu krve mléčných plemen čistokrevní býci vyskytují již jen sporadicky. Jejich podchycení a programové využití pro účely konzervace genetického zdroje je nejvýš aktuální (Hřeben, 2013).

### 2. 6. 3. Způsoby uchování

Rozhodujícím cílem uchování je vytvořit a uchovat rezervu biologického materiálu v rozsahu a skladbě postačující pro potenciální obnovu plemene v případě poklesu stavů žijících zvířat pod kritickou mez. Za minimální udržitelný rozsah populace schopné reprodukce v řízeném režimu lze považovat stav cca 800 plemenic a 10-12 býků rovnoměrně rozdělených nejméně do třech a optimálně do pěti liniových skupin, které umožní zabezpečit nepříbuzenskou plemenitbu. Z provozních i ekonomických důvodů je nejschůdnější a v podstatě jedinou reálnou cestou zabezpečení genetického zdroje uchováním zmrazených embryí a spermatu. Záměrem je vyprodukovat z řízeného připárování plemenné býky, kteří odpovídají určeným požadavkům na genetický zdroj českého strakatého plemene. Býky zařadit do plemenitby a obnovit tak ohrožené české linie, s cílem jejich rozšíření do vybraných chovů v České republice (Hřeben, 2013).

### 2. 6. 4. Stav plemene České strakaté skotu

Početní stavy plemenic i plemeníků původního českého strakatého skotu z důvodů intenzivního šlechtění a prudkého poklesu stavů skotu rychle ubývají a jsou rozptýleny v celé populaci. Ke konci roku 2009 jsou početní stavy krav s podílem krve českého strakatého plemene 41 918 kusů, ale podle zastoupení linií nově odchovaných býků se jedná z 97,5% o potomky cizích linií a ze 2,5% po liniích býků původních (Hinrich, 2006).

Tab. č. 9 Struktura a stav plemene České strakaté, začleněných do genetických zdrojů (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat.)

Kategorie	Rok			
	2010	2011	2012	2013
Plemenní býci	0	3	2	0
Krávy	22	19	19	17
Jalovice (nad 6 měs.)	1	11	17	22
Jalovičky (do 6 měs.)	5	3	6	4
Celkem	28	36	44	43

V letech 1999 – 2002 bylo při realizaci projektu uskladněno a zaevidováno v bance genových zdrojů 12 522 inseminačních dávek 22 býků osmi původních linií (Tab. č. 4).

Tab. č. 10 osm původních linií býků (Hřeben, 2013)

Linie	Počet	Registry býků
Brok	5	BO 787 BO 796 BO 821 BO 824 BO 837
Hubert	5	HB 185 HB 189 HB 190 HB 207 HB 228
Farfan	1	FN 182
Lucián	3	LC 294 LC 296 LC 300
5 Mrak	4	MKM 220 MKM 231 MKM 240 MKM 242
Menelík	2	ME 75 ME 170
25 Major	1	MOL 177
590 Cesar	1	CSM 342
Celkem	8 linií – 22 býků	

## **2. 7. Genetický zdroj Česká Červinka**

Česká červinka byla v roce 1992 zařazena mezi genové rezervy (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat<sub>5</sub>).

Obr. č. 18 – viz příloha

### **2. 7. 1. Vznik a vývoj**

Původní plemeno chované na území Čech a Moravy byl brachycerní skot, označovaný názvy české červinky, slezské červinky, líšňanské červinky apod. Původní zbarvení červinek žlutočervené, žluté rohy s tmavými špičkami, byly středního rámce, živého temperamentu, s dobrou plodností a produkovaly kvalitní žlutě zbarvené mléko. Jejich vadou byla poměrně pozdní vyspělost. Mezi jednotlivými typy červinek byly určité rozdíly – např. slezské červinky měly vyšší dojivost a tmavší červené zbarvení (Majzlík, 2013).

### **2. 7. 2. Stupeň ohrožení a důvody uchování**

Plemeno česká červinka je třeba považovat za kulturně-historickou součást chovatelství v českých zemích a jeho udržení vychází z celosvětových a evropských snah o udržení biologické diverzity. Protože se jedná o tzv. „rustikální“ plemeno s kombinovanou užitkovostí, které má parametry užitkovosti nižší než běžně chovaná plemena (české strakaté, černostrakaté) a není tudíž ekonomicky konkurenceschopné, je zapotřebí k jeho udržení finanční podpory. Vzhledem k počtu zvířat a úrovni užitkovosti není reálné v dohledné době očekávat jeho zásadní uplatnění v produkčním zemědělství. Využití lze předpokládat ve smyslu kulturně historické památky, tj. umístění na školních statcích (didaktika), popř. hospodářských skanzenů a obdobných zařízení, případně v alternativních malochovech (jako „hobby plemeno“) (Majzlík, 2013).

### 2. 7. 3. Stav plemene České Červinky

Tab. č. 12 - Struktura a stav plemene České Červinky (Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů zvířat<sub>5</sub>)

Kategorie	Rok									
	1999	2001	2003	2006	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Plemenní býci	2	3	2	3	2	14	9	9	10	10
Krávy	62	54	70	63	80	78	89	85	94	109
Jalovice (nad 6 měs.)	12	39	34	40	51	51	70	56	73	86
Jalovice (do 6 měs.)	15	20	11	10	24	20	21	22	5	10
Celkem	91	116	117	113	157	163	189	172	182	215

### **3. Závěr**

Cílem mé bakalářské práce bylo přiblížit genetickou diverzitu plemen skotu v České republice. Pro bližší pochopení bylo nutné vysvětlit základní pojmy, které se vztahují k této problematice. Podle definice diverzity je vše živé na Zemi, včetně genů a všech ekosystémů, které vytvářejí životní prostředí. Už od školních let nás učitelé vedli ochraně životní prostředí. Chránit musíme nejenom ovzduší, ale i živé organizmy a jejich původ. V práci jsem se zaměřoval na genetické markery, mikrosatelity, minisatelity a také na mutaci. Dále jsem se zaměřoval na genetické zdroje skotu v České republice a to jsou Česká červinka a Český strakatý skot. Ve své práci jsem shrnul poznatky, které jsem načerpal při zpracování své práce. Celá práce je pro mě přínosem a velkou příležitostí získat mnoho užitečných informací v mém oboru, který studuji. Mým cílem bylo vytvořit přehled o genetické diverzně a její důležitosti pro ČR.

#### 4. Literární přehled

**BEJA-PEREIRA A., D. CARAMELLI, C. LALUEZA-FOX, C. VERNESI, N. FERRAND, A. CASOLI, F. GOYACHE, L. J. ROYO, S. CONTI, M. LARI, A. MARTINI, L. OURAGH, A. MAGID, A. ATASH, A. ZSOLNAI, P. BOSCATO, C. TRIANTAPHYLIDIS, K. PLOUMI, L. SINEO, F. MALLEGNI, P. TABERLET, G. ERHARDT, L. SAMPIETRO, J. BERTRANPETIT, G. BARBUJANI, G. LUIKART, G. BERTORELLE**, The origin of European cattle: Evidence from modern and ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences* [online]. 2006-05-23, vol. 103, issue 21, s. 8113-8118 [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1073/pnas.0509210103. Dostupné z:

<http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0509210103>

**BLACKBURN H. D.**, Genetic Selection and Conservation of Genetic Diversity\*. *Reproduction in Domestic Animals* [online]. 2012, vol. 47, s. 249-254 [cit. 2014-11-19]. DOI: 10.1111/j.1439-0531.2012.02083.x. Dostupné z: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1439-0531.2012.02083.x>

**BOETTCHER P. J., M. TIXIER-BOICHARD, M. A. TORO, H. SIMIANER, H. EDING, G. GANDINI, S. JOOST, D. GARCIA, L. COLLI a P. AJMONE-MARSAN**, Objectives, criteria and methods for using molecular genetic data in priority setting for conservation of animal genetic resources. *Animal Genetics* [online]. 2010, vol. 41, s. 64-77 [cit. 2014-11-19]. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2010.02050.x. Dostupné z:

<http://doi.wiley.com/10.1111/j.1365-2052.2010.02050.x>

**BUTT N., H. L. BEYER, J. R. BENNETT, D. BIGGS, R. MAGGINI, M. MILLS, A. R. RENWICK, L. M. SEABROOK a H. P. POSSINGHAM**, Biodiversity Risks from Fossil Fuel Extraction. *Science* [online]. 2013-10-24, vol. 342, issue 6157, s. 425-426 [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1126/science.1237261. Dostupné z: <http://www.sciencemag.org/cgi/doi/10.1126/science.1237261>

**ČADIL J., KLUB ČESKÉ ČERVINKY, I. MAJZLÍK**, Metodika chovu - České Červinky [online]. 2013 [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

[http://www.genetickezdroje.cz/sites/File/metodika/metodika\\_ochrany\\_skot\\_cervinka.pdf](http://www.genetickezdroje.cz/sites/File/metodika/metodika_ochrany_skot_cervinka.pdf)

**ČESKÝ STATISTICKÝ ÚŘAD**, Stavby hospodářských zvířat [online]. 2014 [cit. 2014-11-16]. Dostupné z: [http://www.czso.cz/csu/redakce.nsf/i/zemedelstvi\\_zem](http://www.czso.cz/csu/redakce.nsf/i/zemedelstvi_zem)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>1</sub>**, Charolais [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=8](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=8)



**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>2</sub>**, Limousine [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=9](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=9)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>3</sub>**, Hereford [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=6](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=6)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>4</sub>**, Galloway [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=4](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=4)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>5</sub>**, Aberdeen angus [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=1](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=1)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>6</sub>**, Piemontese [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=11](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=11)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>7</sub>**, Belgické modré [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=2](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=2)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>8</sub>**, Gasconne [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=5](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=5)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>9</sub>**, Skotský náhorní skot (Highland) [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=7](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=7)

**ČESKÝ SVAZ CHOVATELŮ MASNÉHO SKOTU<sub>10</sub>**, Blonde d' Aguitaine [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_info&plid=3](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_info&plid=3)

**DIAMOND J.**, Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature* [online]. 2002-8-8, vol. 418, issue 6898, s. 700-707 [cit. 2014-11-19]. DOI: 10.1038/nature01019. Dostupné z: <http://www.nature.com/doifinder/10.1038/nature01019>

**DOVC P, T KAVAR, H SOLKNER a R ACHMANN**, Development of the Lipizzan Horse Breed. *Reproduction in Domestic Animals* [online]. 2006, vol. 41, issue 4, s. 280-285 [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.1111/j.1439-0531.2006.00726.x. Dostupné z: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1439-0531.2006.00726.x>

**DVOŘÁK J., I. VRTKOVÁ**, Malá genetika prasat II. 1. vyd. Brno: Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, Ústav genetiky, 2001, 91 s. ISBN 80-715-7521-6.

**EAGRI ZEMĚDĚLSTVÍ**, Národní program [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: <http://eagri.cz/public/web/mze/zemedelstvi/geneticke-zdroje/narodni-program/>

**FLEGR J., I. MAJZLÍK**, Evoluční biologie. Vyd. 1. Praha: Academia, 2005, 559 s. ISBN 80-200-1270-2.

**GARANT D., L. E. B. KRUIK**, How to use molecular marker data to measure evolutionary parameters in wild populations. *Molecular Ecology* [online]. 2005, vol. 14, issue 7, s. 1843-1859 [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2005.02561.x. Dostupné z:

<http://doi.wiley.com/10.1111/j.1365-294X.2005.02561.x>

**GROENEVELD L. F., J. A. LENSTRA, H. EDING, M. A. TORO, B. SCHERF, D. PILLING, R. NEGRINI, E. K. FINLAY, H. JIANLIN, E. GROENEVELD a S. WEIGEND**, Genetic diversity in farm animals - a review. *Animal Genetics* [online]. 2010, vol. 41, s. 6-31 [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x. Dostupné z:

<http://doi.wiley.com/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>

**GOLDSTEIN D. B., C. SCHLÖTTERER**, Microsatellites: evolution and applications. New York: Oxford University Press, xv, 352 p. ISBN 01-985-0408-X.

**HALL, S.J.G., J.A. LENSTRA a D.C. DEEMING**, Prioritization based on neutral genetic diversity may fail to conserve important characteristics in cattle breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* [online]. 2012, vol. 129, issue 3, s. 218-225 [cit. 2014-11-21]. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2011.00949.x. Dostupné z: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1439-0388.2011.00949.x>

**HAJIČ F., J. ČÍTEK, K. KOŠVANEC**, Obecná zootechnika. Vyd. 1. České Budějovice: Jihočeská univerzita, Zemědělská fakulta, 1995, 165 s. ISBN 80-704-0148-6.

**HINRICH H.**, Atlas plemen hospodářských zvířat: skot, ovce, kozy, koně, osli, prasata: 250 plemen. Vyd. v češtině 1. Praha: Brázda, 2006, 295 s. ISBN 80-209-0344-5.

**HROUZ J., J. ŠUBRT, P. POLÁP**, Vznik a současný stav vývoje plemen hospodářských zvířat. Sborník referátů mezinárodního semináře "Genofond hospodářských zvířat", 1997, Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, Brno, 51 str.

**HRUBAN V., I. MAJZLÍK**, Obecná genetika. Vyd. 1. Praha: Česká zemědělská univerzita, 2000, 316 s. ISBN 978-80-213-0600-42007.

**HŘEBEN F.**, Metodika chovu - Český strakatý skot [online]. 2013 [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

[http://www.genetickezdroje.cz/sites/File/metodika/Metodika\\_SkotStrakaty.pdf](http://www.genetickezdroje.cz/sites/File/metodika/Metodika_SkotStrakaty.pdf)

**KEESING F., L. K. BELDEN, P. DASZAK, A. DOBSON, C. D. HARVELL, R. D. HOLT, P. HUDSON, A. JOLLES, K. E. JONES, C. E. MITCHELL, S. S. MYERS, T. BOGICH, R. S. OSTFELD**, Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature* [online]. 2010-12-2, vol. 468, issue 7324, s. 647-652 [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1038/nature09575. Dostupné z: <http://www.nature.com/doi/10.1038/nature09575>

**KNOLL A., Z. VYKOUKALOVÁ**, Molekulární genetika zvířat: (metody detekce polymorfizmů DNA genů). Vyd. 1. V Brně: Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, 2002, 100 s. ISBN 80-715-7616-6.

**KOVÁŘ P.**, Geobotanika: úvod do ekologické botaniky. 1. vyd. Praha: Karolinum, 2002, 104 s. ISBN 80-246-0359-4.

**LIPSKÝ Z.**, Krajinná ekologie: pro studenty geografických oborů. 1. vyd. Praha: Karolinum, 1998, 129 s. ISBN 80-718-4545-0.

**MAJERČIAK P., L. HETÉNYI, J. PLESNÍK, J. BULLA, J. PIVKO**, Génové zdroje hospodářských zvířat na Slovensku. Sborník referátů z mezinárodní konference "Genové zdroje hospodářských zvířat", 1993, Vysoká škola zemědělská v Brně a Státní plemenářský podnik Praha.

**MÁTL J.**, Národní referenční středisko uchování a využití genetických zdrojů hospodářských zvířat [online]. 2004 [cit. 2014-11-16]. Dostupné z: <http://www.genzdrojehz.wz.cz/set.htm>

**MEDUGORAC I., A. MEDUGORAC, I. RUSS, C. E. VEIT-KENSCH, P. TABERLET, B. LUNTZ, H. M. MIX, M. FÖRSTER, S. CONTI, M. LARI, A. MARTINI, L. OURAGH, A. MAGID, A. ATASH, A. ZSOLNAI, P. BOSCATO, C. TRIANTAPHYLIDIS, K. PLOUMI, L. SINEO, F. MALLEGGNI, P. TABERLET, G. ERHARDT, L. SAMPIETRO, J. BERTRANPETIT, G. BARBUJANI, G. LUIKART a G. BERTORELLE**, Genetic diversity of European cattle breeds highlights the conservation value of traditional unselected breeds with high effective population size: Evidence from modern and ancient DNA. *Molecular Ecology* [online]. 2009, vol. 18, issue 16, s. 3394-3410 [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2009.04286.x. Dostupné z: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1365-294X.2009.04286.x>

**MORA C., D. P. TITTENSOR, S. ADL, A. G. B. SIMPSON, B. WORM, G. M. MACE**, How Many Species Are There on Earth and in the Ocean?. PLoS Biology [online]. 2011-8-23, vol. 9, issue 8, e1001127- [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1371/journal.pbio.1001127. Dostupné z:

<http://dx.plos.org/10.1371/journal.pbio.1001127>

**MLÁDEK J.**, Ministerstvo zemědělství [online]. 2006 [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ\\_07\\_11.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ_07_11.pdf)

**NÁRODNÍ REFERENČNÍ STŘEDISKO UCHOVÁNÍ A VYUŽITÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT<sub>1</sub>**, Národní program [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

[http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=narodni\\_program\\_uvod&site=default](http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=narodni_program_uvod&site=default)

**NÁRODNÍ REFERENČNÍ STŘEDISKO UCHOVÁNÍ A VYUŽITÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT<sub>2</sub>**, Genetické zdroje [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

[http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=co\\_jsou\\_geneticke\\_zdroje&site=default](http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=co_jsou_geneticke_zdroje&site=default)

**NÁRODNÍ REFERENČNÍ STŘEDISKO UCHOVÁNÍ A VYUŽITÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT<sub>3</sub>**, Strategie ochrany genetických zdrojů [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

[http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=strategie\\_ochrany&site=default](http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=strategie_ochrany&site=default)

**NÁRODNÍ REFERENČNÍ STŘEDISKO UCHOVÁNÍ A VYUŽITÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT<sub>4</sub>**, Český strakatý skot [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

[http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=skot\\_02](http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=skot_02)

**NÁRODNÍ REFERENČNÍ STŘEDISKO UCHOVÁNÍ A VYUŽITÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT<sub>5</sub>**, Česká červinka [online]. [cit. 2014-11-18]. Dostupné z:

<http://www.genetickezdroje.cz/index.php?p=skot>

**NEČÁSEK J., T. VYHNÁLEK**, Genetika: (tištěná forma multimediálního hypertextu na CD). 1. vyd. Praha: Scientia, 1993, 112 s. ISBN 80-858-2704-2.

**NOTTER D. R.**, The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. Scopus [online]. 1999 [cit. 2014-11-17]. Dostupné z:

<http://www.journalofanimalscience.org/content/77/1/61.long>

**PALAS J.**, Ministerstvo zemědělství [online]. 2003 [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: [http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ\\_04\\_08.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ_04_08.pdf)

**PRIMACK R. B., P. KINDLMANN, J. JERSÁKOVÁ**, Biologické principy ochrany přírody. Vyd. 1. Praha: Portál, 2001, 349 s. ISBN 80-717-8552-0.

**PRIMACK R. B., P. KINDLMANN, J. JERSÁKOVÁ**, Úvod do biologie ochrany přírody. Vyd. 1. Praha: Portál, 2011, 466 s. ISBN 978-807-3675-950.

**RAMEL C.**, Mini - and Microsatellites. Environmental Health Perspectives [online]. 1997, vol. 105, s. 781- [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.2307/3433284. Dostupné z: <http://www.jstor.org/stable/3433284?origin=crossref>

**REÁLNÉ ZEMĚDĚLSTVÍ**, Zemědělství v reálu a vše kolem něj. Tur domácí [online]. 2011 [cit. 2014-11-16]. Dostupné z:

<http://zivotnafarme.infoblog.cz/clanek/tur-domaci-2791/>

**RELICHOVÁ J.**, Genetika populací. 1. vyd. Brno: Masarykova univerzita, 1997, 175 s. ISBN 80-210-1542-X.

**RICHARD M.**, Can Microsatellites Be Used to Infer Phylogenies? Evidence from Population Affinities of the Western Canary Island Lizard (*Gallotia galloti*). Molecular Phylogenetics and Evolution [online]. 2001, vol. 20, issue 3, s. 351-360 [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.1006/mpev.2001.0981. Dostupné z:

<http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1055790301909819>

**ROČENKA**, Chov skotu v České Republice [online]. 2014 [cit. 2014-11-18]. Dostupné z: <http://www.cmsch.cz/store/skot-rocenka-2013-na-web.pdf>

**ROGERS D. L., C. I. MILLAR, R. D. WESTFALL**, Genetic diversity within species. Sierra Nevada Ecosystem Project, Final report to Congress, Volume II, Assessments and Scientific Basis for Management Options, Centers for water and Wildland Resources, 1996, Report No. 37, University of California, Davis, California

**ROUDNÁ M.**, Genetické zdroje rostlin a živočichů. Praha: Ministerstvo životního prostředí, 2004, 60 s. ISBN 80-721-2312-2.

**ROUDNÁ M., L. DOTLAČIL**, Genetické zdroje - význam, využívání a ochrana. Praha: Ministerstvo životního prostředí, 2007, 26 s. ISBN 978-80-7212-469-5.

**ROSYPAL S.**, Terminologie molekulární biologie: české odborné termíny, jejich definice a anglické ekvivalenty. 1. vyd. Brno: Stanislav Rosypal, 2001, xviii, 281 s. ISBN 80-902-5623-6.

**ŘEHOUT V.**, Genetika II. 1. vyd. V Českých Budějovicích: Jihočeská univerzita, Zemědělská fakulta, 2005, 189 s. ISBN 80-704-0774-3.

- SCHLÖTTERER C.**, Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma* [online]. 2000, vol. 109, issue 6, s. 365-371 [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.1007/s004120000089. Dostupné z: <http://link.springer.com/10.1007/s004120000089>
- SOINI K., C. DIAZ, G. GANDINI, Y. DE HAAS, T. LILJA, D. MARTIN-COLLADO, F. PIZZI, S. J. HIEMSTRA**, Developing a typology for local cattle breed farmers in Europe. *Journal of Animal Breeding and Genetics* [online]. 2012, no-no [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2012.01009.x. Dostupné z: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1439-0388.2012.01009.x>
- STORCH D.**, Úvod do současné ekologie. Vyd. 1. Praha: Portál, 2000, 156 s. ISBN 80-717-8462-1.
- SVAZ CHOVATELŮ ČESKÉHO STRAKATÉHO SKOTU**, Plemenná kniha [online]. [cit. 2014-11-17]. Dostupné z: <http://www.cestr.cz/plemenna-kniha.html>
- SYCHRA O.**, Obecná zoologie - Domestikace. [online]. 2012 [cit. 2014-11-16]. Dostupné z: <http://www.zoologie.frasma.cz/domestikace/domestikace.html>
- TESLÍK V.**, Masný skot. 1. vyd. Praha: Agrospoj, 2000, 197 s.
- TOTH, G., E. LOESKE, B. KRUK**, Microsatellites in Different Eukaryotic Genomes: Survey and Analysis. *Genome Research* [online]. 2000, vol. 10, issue 7, s. 967-981 [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.1101/gr.10.7.967. Dostupné z: <http://www.genome.org/cgi/doi/10.1101/gr.10.7.967>
- TOWNSEND C. R, M. BEGON, J. L. HARPER**, Základy ekologie. 1. české vyd. Olomouc: Univerzita Palackého v Olomouci, 2010, xii, 505 s. ISBN 978-802-4424-781.
- URBAN F.**, Chov dojeného skotu: [reprodukce, odchov, management, technologie, výživa]. Praha: Apros, 1997, 289 s., [8] s. barev. obr. příl. ISBN 80-901-1007-X.
- URBAN T., T. VYHNÁLEK**, Virtuální svět genetiky 1: (tištěná forma multimediálního hypertextu na CD). Vyd. 1. Brno: Mendelova zemědělská a lesnická univerzita, 2002, 139 s. ISBN 80-715-7613-1.
- VAČKÁŘ D.**, Ukazatele změn biodiverzity. Vyd. 1. Praha: Academia, 2005, 298, [16] p. ISBN 80-200-1386-5.
- VAN MARLE-KOSTER E., L. H. NEL**, Genetic markers and their application in livestock breeding in South Africa: A review. [online]. 2003 [cit. 2014-11-17]. Dostupné z: <http://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/3731>

- WALDRON A., A. O. MOOERS, D. C. MILLER, N. NIBBELINK, D. REDDING, T. S. KUHN, J. T. ROBERTS, J. L. GITTLEMAN**, Targeting global conservation funding to limit immediate biodiversity declines. *Proceedings of the National Academy of Sciences* [online]. 2013-07-16, vol. 110, issue 29, s. 12144-12148 [cit. 2014-11-16]. DOI: 10.1073/pnas.1221370110. Dostupné z: <http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1221370110>
- WHITTAKER R. H.**, Evolution and Measurement of Species Diversity. *Taxon* [online]. 1972, vol. 21, 2/3, s. 213- [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.2307/1218190. Dostupné z: <http://www.jstor.org/stable/1218190?origin=crossref>
- ZANE L., L. BARGELLONI, T. PATARNELLO**, Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology* [online]. 2002, vol. 11, issue 1, s. 1-16 [cit. 2014-11-17]. DOI: 10.1046/j.0962-1083.2001.01418.x. Dostupné z: <http://doi.wiley.com/10.1046/j.0962-1083.2001.01418.x>
- ZIMA J.**, Genetické metody v zoologii. 1. vyd. Praha: Karolinum, 2004, 239 s. Učební texty Univerzity Karlovy v Praze. ISBN 80-246-0795-6.
- ZOO PRAHA**, Plemenné knihy [online]. 2013 [cit. 2014-11-17]. Dostupné z: <http://www.zoopraha.cz/zvirata-a-expozice/pomahame-jim-prezit/zakladni-informace/5784-plemenne-knihy>

## **5. Přílohy**



Obrázek č. 1 Plemeno charolais - skupina



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1029&plid=8](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1029&plid=8)

Obrázek č. 2 Plemeno limousine- skupina



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1026&plid=9](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1026&plid=9)

Obrázek č. 3 Plemeno hereford - skupina



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1018&plid=6](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1018&plid=6)

Obrázek č. 4 Plemeno galloway – kráva s teletem



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1012&plid=4](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1012&plid=4)

Obrázek č. 5 Plemeno aberdeen angus – plemenný býk



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1002&plid=1](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1002&plid=1)

Obrázek č. 6 Plemeno piemontese – kráva s teletem



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1047&plid=11](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1047&plid=11)

Obrázek č. 7 Plemeno belgické modré – kráva s teletem



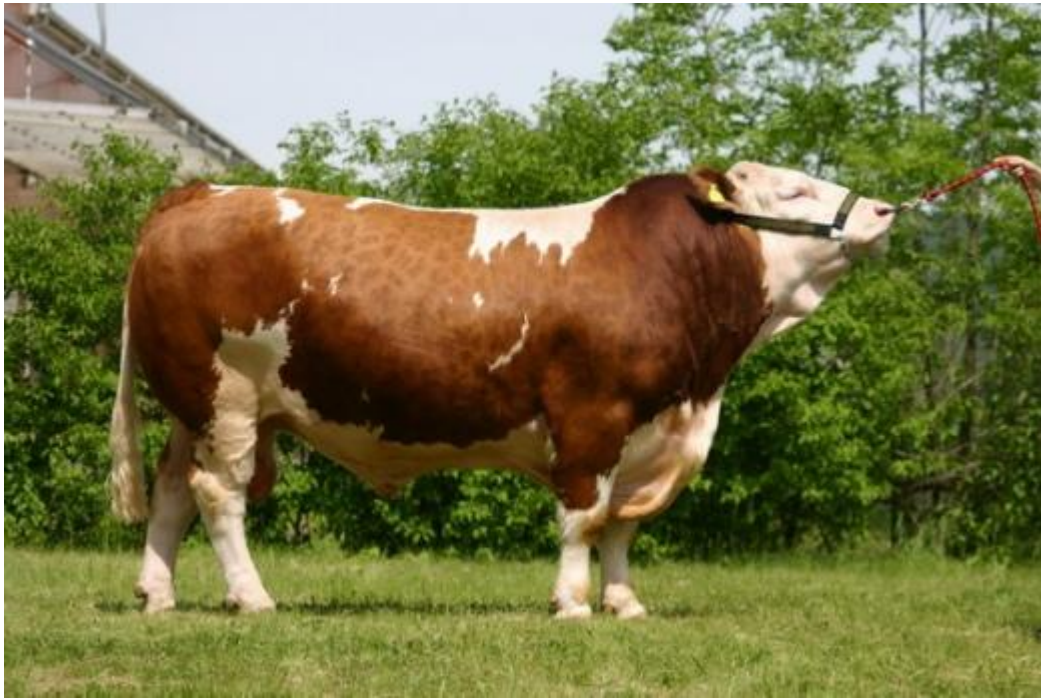
Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1005&plid=2](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1005&plid=2)

Obrázek č. 8 Plemeno gasconne – skupina



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1048&plid=5](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1048&plid=5)

Obrázek č. 9 Plemeno masný simentál – plemenný býk



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1035&plid=10](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1035&plid=10)

Obrázek č. 10 Plemeno salers – skupina



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1038&plid=12](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1038&plid=12)

Obrázek č. 11 Plemeno highland – skupina



Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1042&plid=7](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1042&plid=7)

Obrázek č. 12 Plemeno blonde d' aguitaine – kráva s teletem



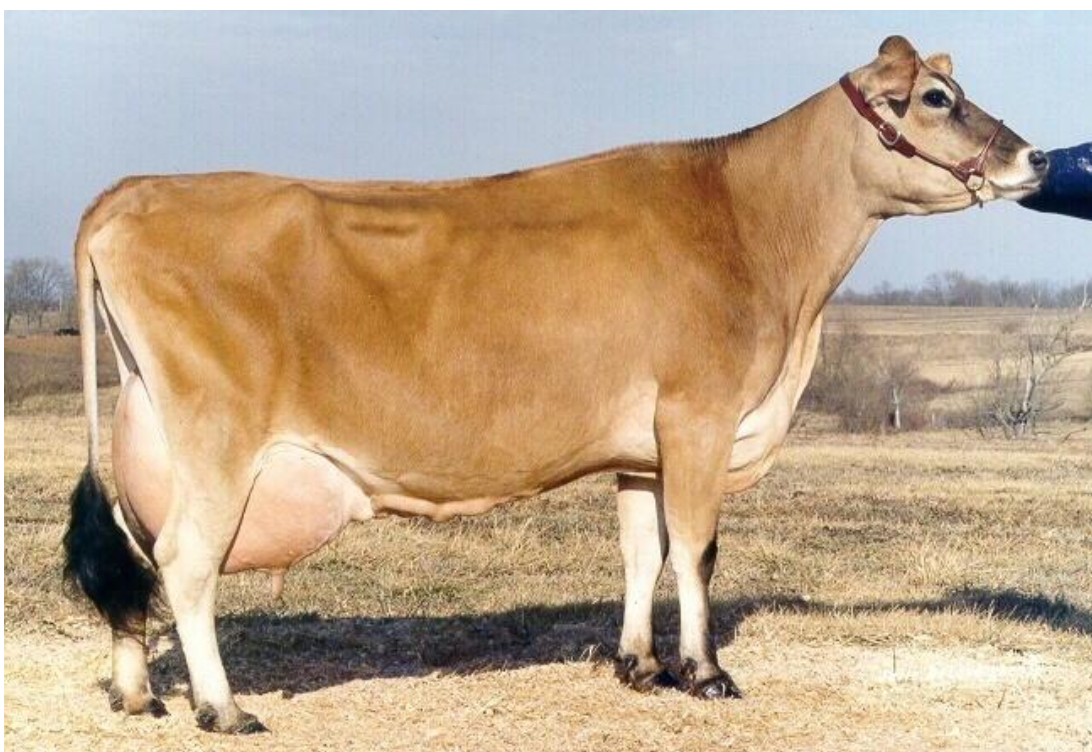
Zdroj: [http://www.cschms.cz/index.php?page=pl\\_fotode&fid=1044&plid=3](http://www.cschms.cz/index.php?page=pl_fotode&fid=1044&plid=3)

Obrázek č. 13 Plemeno ayshire – kráva



Zdroj: <http://www.chovzvirat.cz/zvire/3402-ayrshirsky-skot/>

Obrázek č. 14 Plemeno jersey – kráva



Zdroj: [http://www.eamos.cz/amos/koz/modules/low/kurz\\_text.php?s tartpos=4&id\\_k a p=3&kod\\_kurzu=koz\\_0885](http://www.eamos.cz/amos/koz/modules/low/kurz_text.php?s tartpos=4&id_k a p=3&kod_kurzu=koz_0885)

Obrázek č. 15 Plemeno holštýnský skot – plemenný býk



Zdroj: [http://www.eamos.cz/amos/koz/modules/low/kurz\\_text.php?startpos=4&id\\_kap=3&kod\\_kurzu=koz\\_0885](http://www.eamos.cz/amos/koz/modules/low/kurz_text.php?startpos=4&id_kap=3&kod_kurzu=koz_0885)

Obrázek č. 16 Plemeno montbeliard - skupina



Zdroj: [http://cs.wikipedia.org/wiki/Montbeliardsk%C3%BD\\_skot](http://cs.wikipedia.org/wiki/Montbeliardsk%C3%BD_skot)



Obrázek č. 17 Plemeno českého strakatého skotu - kráva



Zdroj: [http://www.cestr.cz/files/ikony\\_web/cesky\\_strakaty\\_krava.jpg](http://www.cestr.cz/files/ikony_web/cesky_strakaty_krava.jpg)

Obrázek č. 18 Plemeno česká červinka – kráva



Zdroj: <http://www.vll.cz/veletrh-106>