

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra etologie a zájmových chovů (FAPPZ)



**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

**Posouzení rozdílů v tělesné stavbě a výkonnosti mezi
vybranými rodinami plemene českomoravský belgický kůň**

Bakalářská práce

Marika Veselá

Chov koní

Ing. Barbora Hofmanová, Ph.D.

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou bakalářskou práci " Posouzení rozdílů v tělesné stavbě a výkonnosti mezi vybranými rodinami plemene českomoravský belgický kůň" jsem vypracovala samostatně pod vedením vedoucího bakalářské práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autorka uvedené bakalářské práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušila autorská práva třetích osob.

Prohlašuji, že jsem nástroje AI využila v souladu s vnitřními předpisy univerzity a principy akademické integrity a etiky.

V Praze dne 27. 4. 2025

Poděkování

Ráda bych touto cestou poděkovala vedoucí své bakalářské práce Ing. Barboře Hofmanové Ph.D. za její odborné vedení, cenné rady a podnětné připomínky, které mi poskytla během zpracování mé práce. Velmi si vážím její ochoty, laskavosti a trpělivosti, s nimiž mě provázela po celou dobu. Mé poděkování patří také mé rodině a blízkým, kteří mi byli stálou podporou jak při tvorbě této práce, tak i během celého studia.

Posouzení rozdílů v tělesné stavbě a výkonnosti mezi vybranými rodinami plemene českomoravský belgický kůň

Souhrn

Cílem této práce bylo posoudit rozdíly v tělesné stavbě a výkonnosti mezi vybranými rodinami plemene českomoravský belgický kůň.

Plemeno českomoravský belgický kůň vzniklo na našem území během posledních 120 let na základě importů převážně původních belgických hřebců, v menší míře z valonských hřebců a několika původních klisen. To vedlo k vytvoření jedinečného chladnokrevného plemene adaptovaného na pracovní podmínky v zemědělství a lesnictví. Významnou roli v jeho šlechtění hrají mateřské linie neboli rodiny, které značně přispěly k rozvoji genetické diverzity. Maternální linie jsou definovány mitochondriální DNA (mtDNA), která se dědí výhradně po matce a má klíčový vliv na energetický metabolismus a fyzickou zdatnost jedinců.

Pro analýzu byla použita data získaná během výkonnostních zkoušek klisen plemene ČMB v letech 2000-2023, která byla získaná z ústřední evidence koní. Do analýzy bylo zahrnuto celkem 238 klisen z devíti nejpočetnějších rodin. U každé klisny byly zaznamenány základní tělesné míry (KVH, KVP, OH, Ohol) a dále byly hodnoceny body za výkon a body za exteriér. Data byla zpracována pomocí popisné statistiky a analýzy rozptylu (ANOVA), která umožnila identifikovat rozdíly mezi rodinami. Korelační analýza byla využita k určení vztahů mezi jednotlivými znaky.

Výsledky ukázaly, že mezi rodinami existují statisticky významné rozdíly v kohoutkové výšce hůlkové (KVH) a obvodu hrudníku (OH). Nejvyšší hodnoty KVH a OH byly zaznamenány u rodin Miluše JM429 a Brita VČ917, zatímco nejnižší hodnoty vykazovaly rodiny Drahoslava 1 a Damita 147. Naopak u kohoutkové výšky páskové (KVP), obvodu holeně (Ohol), bodů za exteriér a bodů za výkon nebyly mezi rodinami zjištěny významné rozdíly. Korelační analýza ukázala silnou pozitivní korelaci mezi KVH a KVP ($r = 0,858$) a střední korelace mezi KVH a OH ($r = 0,480$) či KVH a Ohol ($r = 0,477$).

Tyto výsledky potvrzují vliv genetických predispozic na tělesné parametry klisen a zdůrazňují význam systematického sledování jednotlivých rodin pro zachování genetické diverzity plemene ČMB.

Klíčová slova: chladnokrevný kůň, genetické zdroje, exteriér, výkonnostní zkoušky, konzervační genetika

Assesment of body conformation and performance differences between selected dam-lines of the Czech-Moravian Belgian horse breed

Summary

The aim of this study was to assess differences in body conformation and performance among selected maternal lines of the Czech-Moravian Belgian horse breed.

The Czech-Moravian Belgian horse has been developed in the Czech lands over the past 120 years, primarily through the importation of original Belgian stallions, with some influence from Walloon stallions and a limited number of local mares. This breeding strategy has resulted in the formation of a distinct cold-blooded breed well adapted to working conditions in agriculture and forestry. Maternal lines, or families, have played a crucial role in the development of the breed, significantly contributing to its genetic diversity. These lines are defined by mitochondrial DNA (mtDNA), which is inherited exclusively through the maternal line and has a key influence on energy metabolism and physical fitness.

The analysis was based on data collected during performance tests of Czech-Moravian Belgian mares between 2000 and 2023, as recorded in the central equine database. The study included a total of 238 mares from the nine most populous maternal lines. For each mare, basic body measurements (withers height measured by stick [KVH], withers height measured by tape [KVP], chest circumference [OH], and cannon bone circumference [Ohol]) were recorded, along with scores for performance and exterior conformation. The data were processed using descriptive statistics and analysis of variance (ANOVA), which enabled the identification of differences among the families. Correlation analysis was also conducted to determine relationships between the individual traits.

The results revealed statistically significant differences among the families in withers height (KVH) and chest circumference (OH). The highest values for KVH and OH were observed in the Miluše JM429 and Brita VČ917 families, whereas the Drahoslava 1 and Damita147 families showed the lowest values. In contrast, no significant differences among families were found for KVP, Ohol, performance scores, or conformation scores. Correlation analysis revealed a strong positive correlation between KVH and KVP ($r = 0.858$), and moderate correlations between KVH and OH ($r = 0.480$), and KVH and Ohol ($r = 0.477$).

These findings confirm the influence of genetic predispositions on the physical parameters of mares and highlight the importance of systematic monitoring of individual maternal lines to preserve the genetic diversity of the Czech-Moravian Belgian breed.

Keywords: draft horse, genetic resources, exterior, performance tests, conservation genetics

1 Obsah

2 Úvod	9
3 Cíl práce.....	10
4 Literární rešerše.....	11
4.1 Českomoravský belgický kůň.....	11
4.1.1 Původ a vývoj plemene.....	11
4.1.2 Charakteristika plemene a chovný cíl	12
4.1.3 Chov.....	13
4.1.3.1 Linie	13
4.1.3.2 Rodiny	14
4.2 Výkonnostní zkoušky klisen	16
4.3 Genové zdroje	17
4.3.1 Ochrana a zachování genových zdrojů	18
4.3.1.1 In situ ochrana.....	18
4.3.1.2 Ex situ ochrana.....	18
4.3.2 Genové zdroje v České republice	19
4.3.2.1 Plemena koní zařazená do genetických zdrojů v ČR	20
4.4 Genetická diverzita českomoravského belgického koně.....	21
4.4.1 Metody hodnocení genetické diverzity	21
4.4.2 Rodokmenové (genealogické) analýzy	21
4.4.3 Analýzy molekulárních markerů	22
4.5 Využití mikrosatelitních DNA markerů v genetických studiích.....	23
4.5.1 Metoda SNP markerů pro genetické analýzy koní	24
4.5.2 Studie zaměřené na českomoravského belgického koně	25
4.6 Mitochondriální DNA	25
4.7 Genetické vzdálenosti mezi chladnokrevnými plemeny v ČR	26
4.7.1 Vývoj chovu slezského norika a českého norika	26
4.7.2 Studie zabývající se genetickými vzdálenostmi mezi chladnokrevnými koňmi v ČR.....	27
4.8 Tělesná stavba a její genetické aspekty	28
4.8.1 Hodnocení tělesné stavby	28
4.8.2 Dědivost tělesných rozměrů.....	30
4.8.2.1 Dědivost tělesných rozměrů u českých chladnokrevných plemen koní	30
4.8.3 Genetické korelace mezi tělesnými znaky	31
5 Metodika	32
5.1 Data.....	32
6 Výsledky a diskuse	33

6.1	Rodiny v chovu ČMB.....	33
6.2	Popisná statistika.....	33
6.3	Korelační analýza	34
6.4	Rozdíly mezi rodinami a vliv roku narození	36
6.4.1	Kohoutková výška hůlková	36
6.4.2	Obvod hrudníku	37
7	Závěr.....	39
8	Literatura	40
9	Seznam použitých zkratk a symbolů.....	47
10	Samostatné přílohy.....	I
10.1	Uznané rodiny chovných klisen v populaci ČMB	I

2 Úvod

Českomoravský belgický kůň je jedním z nejvýznamnějších chladnokrevných plemen v České republice, jehož šlechtění probíhalo během posledních 120 let převážně za využití importovaných belgických hřebců a v menší míře valonských hřebců (Vostrá-Vydrová et al. 2016). Toto plemeno se vyznačuje středním čtvercovým rámcem, dřívějším dospíváním a vynikající schopností přizpůsobit se pracovním podmínkám, což jej činí jedinečným a cenným genetickým zdrojem (Vostrý et al. 2017).

Klíčovou roli v jeho chovu hrají maternální linie, které ovlivňují nejen genetickou diverzitu, ale také reprodukční vlastnosti a výkonnostní parametry potomků. Maternální linie jsou definovány mitochondriální DNA (mtDNA), která se dědí výhradně po matce a významně ovlivňuje energetický metabolismus i fyzickou zdatnost. Tento vliv může přispět k rozdílům mezi jednotlivými rodinami a liniemi v rámci plemene (Engel et al. 2021). Maternální linie dále mají zásadní vliv na délku březosti a poměr pohlaví narozených hříbat. Některé linie vykazují delší březost, zatímco jiné mají vyšší pravděpodobnost narození samičích potomků (Kuhl et al., 2015). Heritabilita výkonnostních vlastností je rovněž vyšší u potomků matek než otců, což zdůrazňuje význam mateřské genetiky při šlechtění koní s optimálními vlastnostmi (Lin et al., 2016).

U plemene ČMB však existují výzvy spojené s uzavřeným chovatelským systémem a omezenou velikostí populace, což vede k obavám o genetickou diverzitu. Uzavřený chovný systém, zavedený u ČMB v roce 1999, omezuje přísun nových genů do populace, což zvyšuje riziko inbrední deprese (Ročeň 2022). Tento problém je patrný u mnoha uzavřených populací koní, kde dochází ke snížení genetické variability, což může vést k negativním dopadům na zdraví a výkonnost zvířat (Toro & Mäki-Tanila 2017).

Genetická diverzita je klíčovým faktorem pro dlouhodobou udržitelnost plemene, protože umožňuje adaptaci na měnící se podmínky prostředí a snižuje riziko genetických chorob (Frankham et al. 2010). U ČMB je však patrný postupný nárůst inbredního koeficientu, který může negativně ovlivnit reprodukční schopnosti i celkovou vitalitu populace. Pro zachování dlouhodobé udržitelnosti plemene je proto nezbytné zaměřit se na udržení aktivních mateřských linií a prevenci inbrední deprese prostřednictvím pečlivého výběru jedinců do chovu a genetického monitoringu populace.

3 Cíl práce

Cílem práce bylo vytvořit literární rešerši zaměřenou na význam plemene českomoravský belgický kůň jako genetického zdroje v České republice s důrazem na genetickou diverzitu. V rámci literární rešerše byla pozornost věnována i možnostem hodnocení tělesné stavby a výkonnosti a genetické determinaci těchto znaků u koní. V praktické části byly na základě výsledků výkonnostních zkoušek posouzeny rozdíly v tělesné stavbě a výkonnosti mezi vybranými nejvíce zastoupenými rodinami plemene ČMB.

4 Literární rešerše

4.1 Českomoravský belgický kůň

4.1.1 Původ a vývoj plemene

Populace koní plemene ČMB se v posledních 120 letech utvářela na území Čech a Moravy. Koncem 19. století převládali v plemenitbě noričtí hřebci doplnění malým počtem západoevropských plemenů. Základem chovu plemene ČMB byli především importovaní belgičtí hřebci v letech 1880-1930, v menší míře valonští hřebci v letech 1880-1920 a několik originálních belgických klisen. Belgičtí koně vynikali svou vytrvalostí a schopnostmi v tahu, což vedlo jejich rozšíření po celém území (Misař 2011).

V první fázi šlechtění bylo realizováno převodné křížení lokálních klisen různého stupně zušlechtění, importovanými plemeníky belgického původu (Dušek 2007). Později 1900-1920 již byly zapouštěny klisny se známým původem v první a druhé generaci rodokmenu. Výhodou moravského chovu byla konsolidovanější základna šlechtění. Podstatou konsolidace byl vliv Lukovského hřebčína, který svůj chov zakládal na čistokrevných importovaných belgických klisnách a hřebcích. Což vedlo k rozdílnějšímu typu od koní chovaných v Čechách. Belgičtí koně na Moravě byli ušlechtilejší, harmoničtější a méně mohutní (Misař 2011).

Souběžně byla mezi samčími a samičími produkty těchto páření realizována vzájemná plemenitba inter se, která v období dvacátých až čtyřicátých let nabývala výrazně na intenzitě a se slábnoucími importy se stala jedinou formou plemenitby v nově vytvořené a cíleně šlechtěné populaci českých a moravských chladnokrevných koní s genovým základem originálních belgiků (ASCHK 2023).

Pomocí převodného křížení a příbuzenské plemenitby zde originální hřebci vytvořili genealogické linie, z nichž některé zůstaly zachovány až do dnešních let.

Na Moravu se zpočátku dováželi koně ardenští a belgičtí, kteří byli střední výšky a mohutnosti. Zanechali zde fenotypově nižší a kratší potomstvo, avšak vyrovnanějšího a souměrnějšího zevnějšku. Naopak do Čech byli importováni vyšší a mohutnější belgičtí hřebci, kteří zde zanechali poněkud méně vyrovnané a méně souměrné potomstvo. Ve čtyřicátých a začátkem padesátých let došlo k nahromadění krve linie 9 Marquis de Vraimont na Moravě a linie 426 Aglae v Čechách. Na základě těchto skutečností došlo k výměně hřebců těchto linií mezi Čechami a Moravou a tím došlo k částečnému setření rozdílů v obou zemích nejen mezi těmito liniemi, ale i v typu koní (ASCHK 2023).

Díky intenzivní a promyšlené práci českých a moravských chovatelů v období 1920-1960, se postupně utvářela populace plemene českomoravského belgického koně. Řízenou plemenitbou klisen s hřebci vzniklými během převodného křížení, vznikli čistokrevní jedinci, které bylo možné zařadit do genového zdroje.

Kritické období pro chov ČMB nastalo v sedmdesátých a osmdesátých letech 20. století, kdy přestali být rozlišováni koně belgických a norických původů. Chladnokrevní koně byli v plemenné dokumentaci označováni jako chladnokrevník český (Misař 2011). I přes snahy chovatelů došlo k částečné likvidaci českomoravského belgického koně u nás. Plemeno zachránilo úsilí chovatelů z Čech a Moravy a Tlumačovský hřebčinec, který udržel toto plemeno v samčím dorostu. Po roce 1990 byla populace chladnokrevných koní rozdělena

do třech subpopulací, českomoravský belgický kůň, slezský norik a český norik (ASCHK 2023).

4.1.2 Charakteristika plemene a chovný cíl

Chladnokrevní koně si i v současné době nacházejí uplatnění v zemědělství a lesnictví, především v oblastech, kde je použití těžké mechanizace nevhodné nebo neefektivní. Tito koně jsou nenahraditelní zejména v obtížně přístupných terénech, kde se využívají při vyklízení a přibližování dřeva, stejně jako při zakládání a obnově lesních porostů. Jejich pracovní nasazení je z hlediska ochrany životního prostředí velmi cenné, neboť způsobují výrazně menší poškození půdy a lesních porostů ve srovnání s těžkou lesnickou technikou, která často vede k nežádoucímu zhutňování půdy či tvorbě erozních rýh (MZe 2014).

Chovným cílem je chladnokrevný kůň dospívající ve třech letech věku, středního čtvercového rámce s dobrým osvalením, minimalizací exteriérových vad. Menší ušlechtilá hlava mírně štíčí v profilu, s živým okem, kratší vysoko nasazený krk, mírně strmá a středně dlouhá lopatka, hluboký a prostorný hrudník, kratší středotrupí s dobrou horní linií, kratší pevná dobře vázaná bedra, mohutná dlouhá a široká, mírně skloněná a štěpená zád'. Fundament suchý, kostnatý, klouby výrazné, spěnka kratší a pružná, kopyta pevná a prostorná s dobrou rohovinou (ASCHK 2025).

Zbarvením bývají především ryzáci se světlou hřívou a ohonem, v menší míře hnědáci, vraníci a nevybělující bělouši. Mohou mít bílé odznaky na hlavě nebo na končetinách. Kůže tmavě pigmentovaná (Řád plemenné knihy ČMB 2010).

Jedná se o dlouhověké plemeno s dobrou užitkovostí, plodností, pevnou konstitucí. Jedinci jsou dobře krmitelní a adaptabilní na různá prostředí. Zvířata jsou přiměřeného temperamentu, vyrovnaného charakteru, snadno ovladatelná, učenlivá, pracovitá a dobře spolupracující s lidmi. Jsou určeni především k práci v tahu, využívají se ale i jezdecky v agroturistických jízdnárnách nebo ve střediscích zaměřujících se na hiporehabilitaci.

Znaky tělesné stavby dle řádu plemenné knihy ČMB (2010)

hlava – ušlechtilá, rovná až mírně štíčí v profilu, s živým okem, s jasně zřetelnými konturami krajin

krk – kratší, vysoko nasazený a dobře osvalený,

kohoutek – méně znatelný a dobře utvářený

hřbet a bedra – kratší s dobrou vazbou beder, pevná bedra

hrudník – hluboký, široký, prostorný hrudník, mírně strmá a středně dlouhá lopatka,

zád' – mohutná, středně dlouhá, široká, skloněná, štěpená, dobře osvalená

končetiny – korektní, suché, kostnaté klouby výrazné, spěnka kratší a pružná, kopyta pevná a prostorná

chody – pravidelné, prostornosti odpovídající užitkovému zaměření plemene

Tabulka 1: Minimální tělesné míry při zápisu do plemenné knihy (Řád plemenné knihy ČMB 2010)

	Hřebci	Klisny
Kohoutková výška pásková (cm)	166	165
Kohoutková výška hůlková (cm)	156	155
Obvod hrudi (cm)	187	192
Obvod holeně (cm) pro zápis do HPK	24	23
ostatní oddíly PK		22

4.1.3 Chov

Chov chladnokrevných koní představuje významnou oblast plemenářské práce, která se opírá o systematické využívání linií a rodin k zachování a zlepšování žádoucích vlastností plemene. Linie neboli krevní linie otců, jsou definovány jako skupina zvířat pocházejících od společného samčího předka, zatímco rodiny, označované také jako krevní linie matek, jsou tvořeny potomky navazujícími původem na významnou klisnu, takzvanou zakladatelku rodiny (Kołodziejczyk et al. 2020).

Pro efektivní řízení chovu je klíčové udržovat rovnováhu mezi genetickou diverzitou a zachováním plemenných zdrojů. Nedostatečný počet linií a rodin může vést ke snížení genetické rozmanitosti, zatímco přílišné rozdělení může omezit genetický potenciál populace. Správné vyvážení těchto faktorů zajišťuje stabilitu populace, genetickou diverzitu a zachování kvalitativních znaků plemene (Oldenbroek 2021).

4.1.3.1 Linie

Chov českomoravského belgického koně je založen na několika významných liniích, které mají svůj původ v importovaných belgických hřebcích. Mezi nejvýznamnější linie ČMB patří linie 426 Aglaé, 113 Successeur de Boneffe, 51 Bayard de Heredia, 9 Marquis de Vraimont, 428 Branibor, 396 Bourgogne de Monti, 50 Corale a 26 Miroš. Tyto linie jsou klíčové pro zachování genetické diverzity a charakteristických vlastností plemene, přičemž každá linie přináší do chovu specifické vlastnosti a charakteristiky (Dušek 2007)

Dle Misaře (2011) vznikly postupným šlechtěním v Čechách genealogické linie, jejichž funkčnost přetrvala do současnosti. Jedná se o 428 Branibor 32/22, 426 Aglaé, 28 Bourgogne ze Záhořan 5/27, narozený 1927, po 396 Bourgogne de Monti, z klisny po 211 Cristal. Na Moravě byli z velkého počtu importovaných hřebců založeny celkem tři linie 51 Bayard de Heredia, 9 Marquis de Vraimont, 113 Successeur de Boneffe 32/3274.

Celkem je českomoravský belgický kůň založen na 19ti uznaných liniích, z toho 9 z nich se dochovalo do současnosti. (ASCHK 2023)

Tabulka 2: Linie v chovu současném ČMB (ASCHK 2023)

Název linie	Zakladatel	Rok narození
50 Corale	50 Corale	1909
51 Bayard De Heredia	51 Bayard de Heredia	1920
9 Marquis De Vraimont	9 Marquis de Vraimont	1921
426 Aglaé	426 Aglaé	1920
396 Bourgogne de Monti	396 Bourgogne de Monti	1920
428 Branibor	428 Branibor	1922
26 Miroš	26 Miroš	1923
113 Successeur de Boneffe	113 Successeur de Boneffe	1928



Obrázek 1: Plemenný hřebec 2200 Barman po 1314 Baroš z matky 61/148 Agra po 2767 Alan

Linie: 51 Bayard De Herédia

Rodina: JM 404 Květuše

(Autor: Marika Veselá)

4.1.3.2 Rodiny

Základem každého chovu koní je vždy kvalitní chovná klisna, která má dobře vyjádřeny veškeré znaky charakteristické pro dané plemeno (tj. představuje plemenný typ), měla by vykazovat pohlavní výraz, ušlechtilost exteriéru reflektovanou v celkové stavbě těla. Chovná klisna má být dostatečně robustní, ale s harmonickou tělesnou stavbou, delším tělesným rámcem, hlubokým a širokým trupem a korektním postojem končetin (Perdomo-González et al. 2024). Tyto morfologické znaky jsou klíčové pro zajištění optimální reprodukční výkonnosti a přenos žádoucích fenotypových znaků na potomstvo, což je zvláště důležité u klisen zakladatelek rodin (Laseca et al. 2021).

Vedle těchto morfologických znaků jsou pro chovné klisny zásadní i funkční vlastnosti, jako je efektivní biomechanika pohybu, adekvátní kardiovaskulární kapacita a optimální

neuroendokrinní funkce, které přímo ovlivňují nejen výkonnost samotné klisny, ale i potenciál jejího potomstva (Mahmood et al. 2024).

Výzkumy v oblasti etologie koní zdůrazňují význam temperamentu a charakteru chovných klisen, přičemž klíčové jsou zejména stabilní emoční reaktivita, dobrá sociální adaptabilita a adekvátní mateřské chování, které mají významný vliv na úspěšnost odchovu hříbat a jejich pozdější socializaci (Kim et al. 2018).

Pro klisny zakladatelky rodin je zvláště důležitá genetická kvalita, zahrnující vysokou plemennou hodnotu, absenci dědičných defektů a pozitivní heterozní efekt při připárování s různými hřebci, což jsou faktory klíčové pro dlouhodobou udržitelnost a zlepšování chovu (Laseca et al. 2021).

V současném chovu ČMB je do dnešních dnů evidováno 42 původních rodin, z nichž pochází převážná populace plemene. (95%)

Tabulka 3: Rodiny v chovu ČMB (Ročeň & Políček 2022)

A rodiny	A ₁ A ₂ A ₃
B rodiny	B ₁ B ₂ B ₃ B ₄
C rodiny	C ₁ C ₂
D rodiny	D ₁ D ₂ D ₃ D ₄ D ₅
CH rodiny	CH ₁
J rodiny	J ₁ J ₂
K rodiny	K ₁ K ₂ K ₃
L rodiny	L ₁ L ₂ L ₃ L ₄
M rodiny	M ₁ – M ₁₄
S rodiny	S ₁ S ₂ S ₃
Z rodiny	Z ₁

Rodiny vznikaly jak v zemském chovu tak i v hřebčíněch. Důkazem hřebčinského chovu jsou rodiny 1 Drahoslava, 82 Marecha, 123 Matrona a 147 Damita, které vznikly v hřebčíně Skály-Tlumačov a rodiny 55 Chyňava, 246 Brica a 95 Citadela, které vznikly v hřebčíně Netolice. V zemském chovu v Čechách vzniklo 14 rodin a 21 rodin bylo založeno v zemském chovu na Moravě (Ročeň & Políček 2022).



Obrázek 2: Klisna 63/80 Kora po1233 Bimon z matky 63/811 Komtesa po 1435 Markon
Rodina: Drahoslava 1
(Autor: Marika Veselá)

4.2 Výkonnostní zkoušky klisen

Selekce u klisen probíhá poprvé při výběru klisniček pod chovnou klisnou. Ve třech letech klisny dochází k zápisu do plemenné knihy a vykonání výkonnostních zkoušek. Po jejich úspěšném absolvování je klisna zařazena do chovu.

Výkonnostní zkoušky jsou kontrolou užitkovosti pro plemeno ČMB. Pro zapsání klisny do hlavní plemenné knihy musí ve třech letech mít obvod holeně minimálně 23 cm a dosáhnout 7,1 bodu za exteriér a za výkonnostní zkoušky. Bodování těchto parametrů se provádí v rámci základních zkoušek výkonnosti.

Zkoušky výkonnosti klisen probíhají podle schváleného zkušebního řádu. Zkoušku absolvují tříleté klisny, výjimečně starší. Před zkouškou musí klisna být zapsána do PK. Klisny absolvují zkoušku v lehké zápřeži ve dvojspřeží (obě klisny tříleté) nebo v jednospřeží ve dvou ojích v disciplíně parkur a drezura a v těžké zápřeži (v saních o hmotnosti 300 kg) v jednospřeží. Posuzuje se krok, klus, ovladatelnost a ochota k tahu pomocí 10 bodové stupnice s přesností na 0,1 bodu. Pro složení zkoušky musí klisna absolvovat všechny části zkoušky s bodovým hodnocením nejméně 5 bodů.

Absolvování výkonnostní zkoušky je předpokladem pro využití klisny pro produkci plemenných hřebců. Toto ustanovení platí pro klisny narozené v roce 2015 a později (Řád plemenné knih ČMB 2010).

Do hlavní plemenné knihy jsou zapsány klisny, které mimo jiné splňují požadavek míry obvodu holeně při zápisu do PK ve 3 letech 23 cm a dosáhnou 7,5 bodu za hodnocení exteriéru a 7,5 bodu za vlastní užitkovost. Tímto opatřením je snaha vytvořit z hlavní plemenné knihy

hlavní šlechtitelské jádro chovu a částečně tím eliminovat absenci hřebčínského chovu později (Řád plemenné knih ČMB 2010).

4.3 Genové zdroje

Českomoravský belgický kůň je jedním z plemen zařazených do Národního programu ochrany genetických zdrojů hospodářských zvířat v České republice. V rámci programu genetických zdrojů jsou zařazeni jedinci s oboustranně doloženým původem, kteří splňují kritéria čistokrevnosti a jsou zapsáni v plemenné knize. Tento program má za cíl zachovat genetickou diverzitu plemene a podpořit jeho udržitelné využívání pro budoucí generace (Ročeň a Políček 2022).

Genové zdroje představují základní genetický materiál, který obsahuje informace dědičné povahy, využitelné ve šlechtění, chovu a ochraně druhů. V kontextu živočišné výroby se jedná o genetickou diverzitu mezi plemeny hospodářských zvířat, která má zásadní význam pro zajištění potravinové bezpečnosti, ekologické stability a udržitelného rozvoje (FAO 2015).

Podle FAO (2015) jsou genové zdroje (Animal genetic resources) "jakékoli geneticky definovatelné populace zvířat, které mají význam pro potravinovou bezpečnost nebo zemědělství." Genetická diverzita je zásadní, protože umožňuje adaptaci druhů na měnící se podmínky prostředí a zajišťuje rozmanitost znaků, jako je odolnost vůči nemocem nebo schopnost prosperovat v různých klimatických pásmech.

Z genetického hlediska existuje na planetě přibližně 17 000 druhů savců a ptáků, přičemž domestikováno bylo jen asi 40 druhů, což zahrnuje zvířata pro produkci masa, mléka, vajec, ale také pro práci a zábavu. K úspěšné domestikaci zvířete byly nutné určité biologické a sociální charakteristiky, jako je sociální chování a tolerance k blízkosti člověka, což jsou znaky, které předurčily například skot, prasata, drůbež, kozy, ovce a koně k domestikaci. Tito živočichové významně přispívají k naplnění potřeb společnosti, zejména z hlediska potravinové produkce a produktivního využití při práci a zábavě (Ahmad et al. 2020).

K roku 2021 zaznamenala Organizace pro výživu a zemědělství (FAO) celkem přibližně 8 800 plemen hospodářských zvířat po celém světě. Plemeno představuje skupinu zvířat stejného druhu, které se vyznačují specifickými, morfologickými, fyziologickými a behaviorálními vlastnostmi, jež se předávají z generace na generaci. Tento systém klasifikace, který FAO udržuje prostřednictvím databáze DAD-IS (Domestic Animal Diversity Information System), pomáhá sledovat genetickou rozmanitost a rizika pro jednotlivá plemena, což je klíčové pro ochranu živočišných genových zdrojů (FAO 2021).

V posledních 50 letech došlo k intenzifikaci zemědělské produkce a využívání moderních technik, které preferují vysoce produkční plemena, před těmi lokálními. Tento proces zapříčiňuje riziko ztráty genetické diverzity. Vlivem těchto skutečností došlo k výrazné genetické erozi na celém světě (FAO 2015). Přibližně 26 % lokálních plemen je klasifikováno jako ohrožené vyhynutím, 13 % jako neohrožené, 6 % jako vyhynulé a 55 % jako s neznámým rizikem (Pilling et al. 2020).

V několika studiích (FAO 2015; FAO 2007) je zdůrazněno, že ztráta genetických zdrojů představuje závažné riziko. Ztráta specifických plemen může vést k omezené schopnosti reagovat na nové patogeny nebo klimatické výzvy, což ohrožuje globální potravinovou

bezpečnost. Výzkumy také naznačují, že intenzivní zemědělské systémy vedou k homogenizaci genetického fondu, čímž se snižuje diverzita hospodářských zvířat (Taberlet et al. 2011).

4.3.1 Ochrana a zachování genových zdrojů

Ochrana genetických zdrojů je klíčovou složkou strategií pro zajištění dlouhodobé udržitelnosti chovu zvířat. Mezi hlavní přístupy patří in situ a ex situ ochrana. In situ ochrana zahrnuje udržování zvířat v jejich přirozeném prostředí, zatímco ex situ zahrnuje uchovávání genetického materiálu mimo jejich přirozené prostředí, například v genových bankách (Oldenbroek 2023).

4.3.1.1 In situ ochrana

In situ ochrana znamená ochranu ekosystémů a přírodních stanovišť, stejně jako udržování a obnovu životaschopných populací druhů v jejich přirozeném prostředí. V případě domestikovaných nebo kultivovaných druhů to zahrnuje jejich ochranu v prostředí, kde se vyvinuly jejich charakteristické vlastnosti (Egelmenn & Engels 2002).

Tato metoda se často používá pro tradiční plemena, která jsou dobře přizpůsobena místním podmínkám, jako je například odolnost vůči místním chorobám nebo specifickým klimatickým podmínkám (Kristensen et al. 2015). Mezi aktivity spojené s in situ ochranou patří systémy zaznamenávání výkonnosti, vývoj šlechtitelských programů a řízení genetické rozmanitosti v rámci populací. Ochrana in situ zahrnuje také kroky přijaté k zajištění udržitelného řízení ekosystémů využívaných pro zemědělství a produkci potravin (FAO 2012).

Tato metoda je zásadní pro udržení populace plemenic a plemeníků potřebných k reprodukci a udržitelnosti. Z obecného hlediska je in situ metoda preferována, protože umožňuje dynamiku populace a sleduje vývoj v reálném čase. Plemena se přizpůsobují měnícím se podmínkám, což může vést ke změně genových frekvencí v populaci.

4.3.1.2 Ex situ ochrana

Ex situ ochrana živočišných genetických zdrojů zahrnuje uchovávání genetických materiálů mimo jejich přirozené prostředí. To zahrnuje uchování v podobě spermatu, vajíček, embryí nebo kryokonzervovaných vzorků tkání, ve speciálních bankách či laboratořích mimo přirozený habitat těchto organismů. Jedná se o metodu spíše statickou, zaměřující se na udržování genetických zdrojů mimo přirozené prostředí.

Tato metoda je zásadní pro uchování genetických zdrojů ohrožených plemen, která mohou být obnovena v případě jejich vyhynutí (Hiemstra et al. 2014).

Kryokonzervace hraje klíčovou roli při zachování genotypů hospodářských zvířat. FAO Global Databank for Animal Genetic Resources vede registry ohrožených plemen, aby byla zajištěna možnost obnovy populace v budoucnu (FAO 2015).

Uchovávání genetického materiálu pomocí kryoprezervace spočívá ve zmrazování buněk na extrémně nízké teploty, často za použití tekutého dusíku, což zajišťuje dlouhodobou životaschopnost pro pozdější využití. Tato metoda je klíčová ve šlechtitelství a ochraně genetických zdrojů, kde umožňuje uchování jak embryí, tak i oocytů a somatických buněk. Kromě zemědělství nachází využití také v ochraně ohrožených druhů a výzkumu reprodukčních

technik. Například technika vitifikace, rychlé zmrazení bez tvorby ledových krystalů, je referována kvůli vysoké životaschopnosti uchovaných embryí a oocytů (Engdawork et al. 2024). Tyto postupy mohou pomoci zvýšit genetickou rozmanitost a podpořit chovatelské programy zaměřené na obnovu druhů a udržet tak biodiverzitu.

4.3.2 Genové zdroje v České republice

Správa genetických zdrojů hospodářských zvířat v České republice prošla dlouhým vývojem, který zahrnoval změny legislativy, přístupů a zavedení politik, které reagovaly na socio-ekonomické podmínky a na potřebu ochrany biologické rozmanitosti. Historie řízení genetických zdrojů sahá až do 50. let, kdy byla zavedena první pravidla státního dozoru nad chovem zvířat. Zákonem z roku 1950 bylo řízení chovu převedeno pod státní kontrolu a Zákon o plemenářství z roku 1959 ustanovil systém Státní plemenářské správy. Tento zákon definoval seznam autorizovaných plemen a jejich regiony chovu, které byly vymezeny na základě produkčních a přírodních podmínek. Dovozy cizích plemen byly povoleny pouze za účelem testování a vědeckých výzkumů, což mělo zajistit přizpůsobení importovaného genetického materiálu našim lokálním podmínkám (MZe ČR 2025).

V 90. letech po přechodu na tržní ekonomiku, se podmínky změnily. Volný trh a privatizace plemenářských organizací vedly k expansi zahraničních plemen. Bylo nutné zavést flexibilnější přístupy, které reflektují potřebu ochrany genetické diverzity a adaptace na globální požadavky (Mátlová 2013). Národní program na ochranu genetických zdrojů hospodářských zvířat, vytvořený ve spolupráci s Výzkumným ústavem živočišné výroby, se zaměřil na zachování ohrožených plemen (Příbyl et al. 2017). Tento program zahrnuje jak in situ ochranu, tedy zachování plemen v jejich přirozeném prostředí, tak ex situ ochranu, která využívá metody jako jsou genové banky (FAO 2007).

S přijetím Zákona o plemenářství č. 240/1991 byl poprvé deklarován cíl ochrany genetických zdrojů a vytváření genových rezerv pro původní a ohrožená plemena. V roce 1995 byl proto vyhlášen první Národní program ochrany a využívání genetických zdrojů hospodářských zvířat, do kterého bylo zpočátku zahrnuto 29 národních plemen (Mátlová 2013). Tento program poskytuje právní rámec a finanční podporu pro chovatele, kteří aktivně přispívají k ochraně genetických zdrojů. Do programu ochrany genetických zdrojů hospodářských zvířat jsou zahrnuta plemena skotu, ovcí a koz, koní, prasat, drůbeže, králíků, nutrií, sladkovodních ryb a včel, která vznikala nebo jsou adaptována na území České republiky. Koordinaci v oblasti genetických zdrojů hospodářských zvířat v České republice zajišťuje Výzkumný ústav živočišné výroby v Praze-Uhřetěvesi. Národní středisko dohlíží na program kryokonzervace a využití metod molekulární genetiky pro monitoring genetického materiálu plemen zařazených do národního programu.

Od té doby se genetické zdroje pravidelně monitorují a analyzují, aby se zajistila zdravá genetická struktura a omezil se příbuzenský chov, který by mohl vést k degeneraci plemen (Bijma et al. 2001). Plemena uvnitř Evropy jsou si do značné míry příbuzná, mnohdy se jedná o stejné plemeno s odlišným názvem chované v jiné zemi. S plemenem jako s jednotkou je potřeba pracovat v souhrnu celé populace bez ohledu na státní hranice (Příbyl et al. 2017). Ochrana genetických zdrojů je nyní i součástí evropských programů biodiverzity a udržitelného

rozvoje, což umožňuje čerpat finanční i technickou podporu na mezinárodní úrovni (FAO 2007).

4.3.2.1 Plemena koní zařazená do genetických zdrojů v ČR

V České republice jsou v Národním programu ochrany genetických zdrojů zvířat zařazena celkem čtyři plemena koní. Jedná se o plemena huculský kůň, starokladrubský kůň, slezský norik a českomoravský belgický kůň (Příbyl et al. 2017).

Genetické zdroje chladnokrevných koní v České republice zahrnují především plemena s historickými kořeny ve střední Evropě. Tato plemena jsou oceňována pro svou odolnost, sílu a všestrannost, což je činí vhodnými pro zemědělské práce a také pro rekreační a ekologické účely (Vostrý et al. 2011).

Chladnokrevní koně v České republice jsou také zahrnuti do širších evropských programů pro zachování biodiverzity koní, což zahrnuje ex situ opatření, jako je kryokonzervace, a in situ programy zaměřené na udržování živých chovných populací (Putnová et al. 2018). Tyto iniciativy, podporované místními organizacemi a evropskými sítěmi, se zaměřují na dlouhodobou životaschopnost těchto populací. Konzervační úsilí má zásadní význam nejen pro uchování genetických zdrojů, ale také pro zachování kulturního dědictví spojeného s těmito historickými plemeny (Ovaska et al. 2021).

Dle Ročně & Políčka (2022) musí jedinci plemene českomoravský belgický kůň splňovat tato kritéria, aby mohli být považováni za genový zdroj:

- Byly do GZ zařazeni od roku 1999 včetně. V tomto roce došlo k zařazení nej kvalitnějších jedinců do genových zdrojů.
- Jsou od roku 1999 čistokrevnými zvířaty. Čistokrevným zvířetem se rozumí tací jedinci, kteří mají minimální podíl 87,5 % genů předmětného plemene. Z toho vyplývá že maximálně ve třetí generaci může mít jedinec předka jiného nebo neznámého plemene.
- Jsou zapsáni v plemenné knize
- Absolvují a splní kritéria výkonnostních zkoušek
- Svými parametry tělesných znaků odpovídají standardu plemene
- V mimořádných případech může dojít k zařazení jedince, který nesplňuje tyto podmínky, avšak musí být schválen plemennou radou ČMB a národním koordinátorem.

Případy, ve kterých nemůže být zvíře zařazeno jako GZ:

- Jedinec splňující všechny podmínky k zařazení z hlediska původu, vlastností exteriérových i výkonnostních nemůže být zařazen do GZ v případě prokazatelné dědičné vady. Jedním z důvodů je například letní vyrážka, potvrzená veterinárním lékařem.

4.4 Genetická diverzita českomoravského belgického koně

Vedle historického a kulturního významu je genetická rozmanitost u těchto chladnokrevných plemen cenná i pro selektivní chov, zaměřený na využití koní k práci nebo sportu. Výzkumy heritability a genetických markerů spojených s výkonnostními znaky, jako jsou vytrvalost a síla, ukazují na potenciál těchto plemen pro další využití v moderních chovatelských programech (Putnová et al. 2018).

Analýzy populací českomoravského belgika a slezského norika, zejména ve vztahu k úrovni inbreedingu a genetické variability, odhalují, že ačkoli tato plemena vykazují významnou genetickou diverzitu, existuje riziko inbreedingové deprese. Pro zmírnění tohoto rizika se chovné programy zaměřují na genetické řízení, které balancuje mezi zachováním požadovaných vlastností a udržením genetického zdraví populací (Vostrý et al. 2011).

4.4.1 Metody hodnocení genetické diverzity

Genetická diverzita je klíčovým faktorem pro dlouhodobou udržitelnost plemene, protože umožňuje adaptaci na měnící se podmínky prostředí a snižuje riziko genetických chorob (Long 2008)

Díky rozvoji molekulárních genetických technik a bioinformativních nástrojů došlo v posledních desetiletích k významnému pokroku v hodnocení genetické diverzity koní (Durward-Akhurst et al. 2021). Tyto metody umožňují detailní analýzy genomu koní na úrovni jednotlivých nukleotidů (SNP), což poskytuje bezprecedentní vhled do genetické struktury populací, evolučních vztahů mezi plemeny a identifikaci genomických oblastí podléhajících selekci. Hodnocení genetické diverzity koní má široké uplatnění, od konzervace ohrožených plemen přes optimalizaci šlechtitelských programů až po studium geneticky komplexních znaků, jako je výkonnost či náchylnost k onemocněním (Ablondi et al. 2020).

4.4.2 Rodokmenové (genealogické) analýzy

Rodokmenová analýza genetické diverzity u koní představuje klíčový nástroj pro hodnocení genetické variability a příbuznosti v populacích jednotlivých plemen. Jejím hlavním cílem je optimalizovat chovatelské strategie s cílem zachování zdravé a geneticky rozmanité populace, což je obzvláště důležité pro ohrožená plemena nebo uzavřené populace (Boichard et al. 1997). V případě českomoravského belgického koně poskytla cenné informace o stavu genetické variability tohoto plemene.

Studie Vostré-Vydrové et al. (2016) se zaměřila na analýzu základních parametrů populace chladnokrevných koní v ČR. Analýza byla prováděna na základě 27 022 záznamů v plemenné knize ČMB, z dat od roku 1900 do června roku 2013. referenční populaci tvořilo celkem 956 jedinců narozených v letech 1996-2010. Průměrný ekvivalent kompletně známých generací byl u ČMB 8,91, což je srovnatelné s ostatními chladnokrevnými plemeny v ČR. Úplnost rodokmenu klesla pod 50 % po 15 generacích.

Celkový počet zakladatelů populace ČMB byl 2583 jedinců. Efektivní počet zakladatelů (fe) byl však pouze 43,33, což naznačuje nerovnoměrný příspěvek zakladatelů do současné populace. Efektivní počet předků (fa) byl ještě nižší - 23,31. Poměr fa/fe byl 0,53, což indikuje,

že v minulosti došlo k významnému efektu hrdla láhve. Deset nejvýznamnějších předků vysvětluje 50 % genetické variability referenční populace ČMB.

Průměrný koeficient inbreedingu (F_i) v referenční populaci ČMB byl 0,040 (4 %). Průměrný koeficient příbuznosti (AR) dosáhl hodnoty 0,09. Nárůst inbreedingu (ΔF) za generaci byl 0,005, což je na hranici doporučené hodnoty FAO (0,01)

Realizovaná efektivní velikost populace (N_e) odvozená z nárůstu inbreedingu byla u ČMB 101,37. Tato hodnota je nad doporučeným minimem 50 jedinců pro zachování genetické diverzity.

Celková ztráta genetické diverzity v referenční populaci ČMB za posledních 53 let byla 5 %. Větší podíl na této ztrátě měl genetický drift (3 %) než nerovnoměrný příspěvek zakladatelů (2 %).

Rodokmenová analýza odhalila významný pokles genetické diverzity u českomoravského belgického koně. Pro zachování genetické variability tohoto plemene je třeba implementovat vhodné chovatelské strategie zaměřené na minimalizaci příbuzenské plemenitby a udržení efektivní velikosti populace.

4.4.3 Analýzy molekulárních markerů

Molekulární markery představují významný nástroj v genetickém výzkumu a šlechtění koní, umožňující detailní analýzu genomu a identifikaci důležitých genetických variant. Mezi nejčastěji používané typy molekulárních markerů u koní patří mikrosatelity, jedno nukleotidové polymorfismy (SNP) a inserce/delece (INDEL) (Barrey 2010)

U koní se molekulární markery používají k identifikaci genetických variant spojených s určitými fenotypy, jako je velikost těla, temperament nebo náchylnost k určitým onemocněním. Například SNP markery byly použity k identifikaci genetických mutací spojených s určitými chorobami u koní, jako je lavender foal syndrom nebo foal immunodeficiency syndrom (Finno & Bannasch 2014).

U koní se pro studium genetické variability a identifikaci specifických znaků používají různé typy molekulárních markerů. Mezi nimi patří RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), které využívají enzymy k rozdělení DNA na fragmenty různé délky, umožňující identifikovat genetické variace (Beuzen et al. 2000). Dalšími důležitými markery jsou mikrosatelity (SSR), které jsou krátké sekvence DNA opakující se v genomu a jsou hojně používány pro studium genetické diverzity (Berber et al. 2014). SNP (Single Nucleotide Polymorphism) jsou také široce využívány, jelikož umožňují identifikovat změny jediného nukleotidu v DNA sekvenci, což je důležité pro asociativní studie a identifikaci genů spojených s určitými fenotypy (Finno & Bannasch 2014).

Analýzy genetických markerů u chladnokrevných koní v Evropě jsou důležité pro pochopení jejich genetické variability a diferenciaci. Například studie o polských chladnokrevných koních, jako jsou Sztumski a Sokólski, ukázala, že tyto populace mají relativně nízkou genetickou diferenciaci, přestože jsou považovány za samostatná plemena s vlastními plemennými knihami. Tyto populace byly vytvořeny na počátku 20. století a používaly stejné hřebce, převážně Ardenského a Bretónského. Genetická analýza pomocí SNP genotypizačních polí ukázala, že populace Sokólski a Sztumski mají nízké hodnoty F_{ST} ,

což naznačuje, že většina genetické variability je vysvětlena individuální variabilitou uvnitř populací (Gurgul et al. 2020).

Analýzy Y-chromozomu u koní jsou nedávno intenzivně studovány, protože poskytují jedinečné informace o otcovské linii a historii plemen. Tyto studie jsou důležité pro pochopení genetické rozmanitosti a zachování plemen. Umožňují sledovat otcovské linie koní až 1500 let zpět, což je zásadní pro identifikaci optimálních linií pro chov a zachování plemen (Wallner et al. 2013). Výhody těchto analýz zahrnují lepší konzervaci genetické rozmanitosti, optimalizaci chovatelských programů a pochopení evoluce koní a procesu domestikace (Lindgren et al. 2004). Nové technologie DNA sekvenování umožňují lépe pochopit komplexní strukturu Y-chromozomu a identifikovat nové typy markerů, jako jsou SNPs a CNVs, které jsou používány pro studium otcovských linií koní. Celkově, tyto analýzy mají pozitivní dopad na budoucnost chovu koní a umožňují lépe zachovat původní plemena a jejich jedinečné genetické vlastnosti (Liu et al. 2020).

4.5 Využití mikrosatelitních DNA markerů v genetických studiích

Mikrosatelity byly v minulosti nejrozšířenějším typem markerů používaných pro analýzu genetické diverzity koní (Vostrá-Vydrová et al. 2018). Jedná se o krátké tandemově se opakující sekvence DNA, které jsou vysoce polymorfní. Mezi výhody mikrosatelitů patří vysoká míra polymorfismu, vhodnost pro analýzu příbuznosti a ověřování rodičovství. Standardizace pro rutinní kontroly pedigree v mnoha zemích.

Laboratoř Genomia garantuje stanovení minimálně 15 z následujících 17 mikrosatelitních markerů, které jsou doporučeny International Society for Animal Genetics (ISAG) pro identifikaci a testování rodičovství koní: VHL20, AHT5, HMS2, AHT4, HTG10, LEX3, ASB23, HMS1, ASB2, HTG6, HMS3, HTG4, CA425, HMS6, HTG7, ASB17 a HMS7 (Genomia 2025)

Mikrosatelitní repetice jsou amplifikovány pomocí fluorescenčně značených primerů. Následně jsou alely od každého jedince v rodině rozděleny podle velikosti a marker je testován na vazbu s jiným markerem.

Tento přístup umožňuje:

1. Identifikaci vazby mezi genetickými markery a fenotypovými znaky
2. Mapování genů zodpovědných za určité vlastnosti
3. Studium dědičnosti a genetické struktury populací

Využití mikrosatelitů jako markerů poskytuje cenné informace o genetické variabilitě a může pomoci při identifikaci genů spojených s důležitými znaky v šlechtitelských programech (Al-Samarai & Al-Kazaz 2015).

Například studie provedená v Koreji prokázala, že systém 14 mikrosatelitních markerů je vysoce účinný pro parentážní testování u anglických plnokrevníků. Tento přístup je široce používán v chovu koní pro ověření rodičovství a zajištění integrity plemenných knih (Lee & Cho 2006).

Mikrosatelitní markery jsou také používány pro hodnocení genetické diverzity u různých plemen koní. Studie Putnové et al. (2019) použila 17 mikrosatelitních markerů k analýze 2879 jedinců z 43 populací koní. Bylo zjištěno celkem 182 různých alel, s průměrným počtem 10,7 alel na locus. Očekávaná heterozygotnost se pohybovala od 0,459 Fríských koní do 0,775

Welsh Part Bred, s průměrnou hodnotou 0,721. Pozorovaná heterozygotnost byla v průměru 0,709, s nejvyšší hodnotou 0,775 u Českého Sport Pony.

4.5.1 Metoda SNP markerů pro genetické analýzy koní

V poslední době se začínají objevovat trendy směrem k využití SNP (single nucleotide polymorphism) markerů jako potenciální alternativy pro parentální testování koní (Hirota et al. 2010). SNP markery jsou typem genetických markerů, které se zaměřují na jednoduché změny v DNA sekvenci, kde je jeden nukleotid nahrazen jiným. Tyto změny jsou časté a rovnoměrně rozložené po celém genomu, což z nich dělá užitečné nástroje pro genetické studie (Ye S. et al. 2001).

Metoda založená na SNP markrech využívá techniky jako je PCR (polymerázová řetězová reakce) a následné sekvenování nebo genotypování pomocí mikročipů, aby určila specifické alely SNP u jedinců (Matsuda 2017).

Metoda SNP markerů zahrnuje několik kroků, které jsou popsány níže:

1. **Odběr vzorků:** Nejprve se odebírají biologické vzorky, jako je krev nebo tkáň, od jedinců, které je třeba geneticky analyzovat. Tyto vzorky jsou pak zpracovány pro extrakci DNA.
2. **Extrakce DNA:** Z těchto vzorků se extrahuje DNA, která je poté připravena pro další analýzu. Kvalita DNA je kritická pro úspěch genotypizace (Syvänen 2001).
3. **PCR:** Používá se PCR k amplifikaci specifických oblastí genomu, kde se nacházejí SNP markery. Tento krok zahrnuje amplifikaci krátkých úseků DNA, které obsahují SNP (Kim et al. 2017).
4. **Genotypování:** Amplifikované produkty se poté analyzují pomocí mikročipů nebo sekvenování, aby se určily specifické alely SNP u každého jedince. Existuje několik metod pro genotypování SNP, včetně primer extension a mass spectrometry.
5. **Analýza dat:** Získaná data se analyzují pomocí bioinformatických nástrojů, aby se určily genetické vztahy mezi jedinci nebo aby se provedla parentální analýza (Ye, S., et al. 2001).

Studie poukazují na to, že SNP markery nabízejí vyšší přesnost a stabilitu než mikrosatelitní markery, zejména v parentálním testování. Například studie provedená na marockých koních ukázala, že panel 142 SNP markerů může být dostatečný pro parentální testování s kumulativními vylučovacími pravděpodobnostmi přesahujícími 99,99% (Aminou et al. 2024). To naznačuje, že SNP markery jsou slibnou alternativou pro genetické analýzy koní.

Kromě toho, studie využívající SNP genotypizační pole pro 14 domácích plemen koní a 18 souvisejících druhů ukázala, že SNP markery poskytují široké spektrum aplikací, včetně asociativního mapování a studií genetické diverzity (McCue et al. 2012). Tyto výsledky demonstrují vysokou kvalitu SNP genotypizačních zdrojů a jejich potenciál pro různé genetické analýzy koní.

Celkově, SNP markery se stávají stále populárnější volbou pro genetické studie koní díky své přesnosti a stabilitě. Jsou doporučovány jako potenciální náhrada mikrosatelitních markerů pro parentální testování a další genetické analýzy.

4.5.2 Studie zaměřené na českomoravského belgického koně

Studie Vostřé-Vydrové et al. (2018) zaměřená na genetickou diverzitu českých plemen koní, včetně českého moravského belgického koně, použila soubor mikrosatelitních markerů k analýze genetické variability. Z výsledků vyplývá, že populace českomoravského belgického koně v české republice vykazuje relativně vysokou genetickou diverzitu. Průměrný počet alel na locus byl 7,62, což je nejvyšší hodnota mezi studovanými tažnými plemeny, ačkoli rozdíly mezi nimi nebyly statisticky významné. Pozorovaná heterozygotnost byla 0,680, což je srovnatelné s ostatními studovanými plemeny.

Tyto výsledky naznačují, že česká moravská belgická populace má dostatečnou genetickou diverzitu a nízkou úroveň inbreedingu, což je důležité pro budoucí chovatelské strategie a programy ochrany genetických zdrojů koní v České republice.

Další studie potvrdily, že česká moravská belgická populace, stejně jako další původní plemena, jako jsou hucul a starokladrubský kůň, neztratila vážně genetickou diverzitu navzdory historickým úzkým hrdlům a předchozímu inbreedingu (Putnová et al. 2018).

4.6 Mitochondriální DNA

Mitochondriální DNA (mtDNA) je mimochromozomální genom nacházející se v buněčných mitochondriích mimo jádro a je děděn výhradně od matky bez příspěvku otce. Vzhledem k vyšší evoluční rychlosti mtDNA ve srovnání s jaderným genomem je tento marker preferován při konstrukci fylogenetických stromů a odvozování evoluční historie, a je proto ideální pro srovnání v rámci druhů i mezi nimi (Al-Samarai & Al-Kazaz 2015).

Fylogenetické vztahy úzce příbuzných druhů nebo dokonce různých plemen jsou rychle se vyvíjejícím systémem s vysokou mutační rychlostí. Hypervariabilní D-smyčka mitochondriální DNA (mtDNA) je vhodná pro stanovení fylogenetických vztahů kvůli vysoké úrovni sekvencové variability. Měření variability v rámci 1191- bp fragmentu D-smyčky se ukázalo být užitečné pro charakterizaci variability uvnitř plemene a mezi plemeny (Aberle et al. 2007).

MtDNA obsahuje geny zapojené do energetického metabolismu, což má vliv na výkonnost koní, zejména v disciplínách vyžadujících vytrvalost a sílu. Vzhledem k tomu, že mitochondriální geny se podílejí na energetickém metabolismu, genetická variabilita na úrovni mtDNA by mohla přispívat k liniově specifickým rozdílům ve výkonnostních vlastnostech. U lidí byla zjištěna mitochondriální variabilita, která ovlivňuje vytrvalostní a výkonové schopnosti (Engel et al. 2021). U koní se výzkum zaměřil především na dostihovou výkonnost. U plnokrevníků Harrison a Turrión-Gómez (2006) zkoumali celý mitochondriální genom a našli haplotypy spojené s dostihovou úspěšností a Lin et al. (2018) zjistili mutaci v mitochondriálním genu 16S rRNA, která má za následek nízkou dostihovou výkonnost.

Díky své vyšší mutační rychlosti, než jaderná DNA umožňuje mtDNA lépe sledovat fylogenetické vztahy a genetickou diverzitu (Vila et al. 2001).

Analýzy mtDNA u holštýnských koní ukázaly, že určité mitochondriální haploskupiny jsou spojeny se speciálními talentovými dispozicemi pro drezuru nebo parkurové skákání, což naznačuje, že mtDNA může mít vliv na sportovní výkonnost koní (Engel et al. 2022). Sekvencování celých mitochondriálních genomů u domácích koní odhalilo, že domestikace

zahrnovala začlenění rozsáhlé divoké koně diverzity, což ovlivnilo genetickou rozmanitost moderních plemen (Lippold et al. 2011). Nové technologie, jako je nanopore sekvenování, umožňují efektivní sekvenování celých mitochondriálních genomů a identifikaci nových variant mtDNA, což dále rozšiřuje naše znalosti o genetické historii koní (Dhorne-Pollet et al. 2020).

4.7 Genetické vzdálenosti mezi chladnokrevnými plemeny v ČR

V České republice se zformovala tři chladnokrevná plemena. Mezi ně patří plemena slezský norik, český norik a českomoravský belgický kůň. Tato plemena sdílejí podobné chovatelské cíle a historii, což přispívá k jejich genetické podobnosti.

Českomoravský belgický kůň vykazuje mírně větší genetickou vzdálenost od ostatních tažných plemen, ale stále je součástí stejné skupiny chladnokrevných koní. Studie také ukázaly (Vostrý 2011; Vostrá-Vydrová et al. 2016), že plemeno ČMB má dostatečnou genetickou diverzitu a nebyl vážně ovlivněn inbreedingem, což je důležité pro budoucí chovatelské strategie a programy ochrany genetických zdrojů koní v České republice.

4.7.1 Vývoj chovu slezského norika a českého norika

Historie norického koně sahá až do starověku, kdy Římané založili provincii Noricum na území dnešního Rakouska a přivezli do alpské oblasti těžké římské tažné koně, které zkřížili s místními keltskými koňmi, čímž vznikl nový typ koně známý jako Noriker. Během 18. století se noričtí koně stali oblíbenými pro zemědělskou práci, jelikož byli vyšlechtěni do těžší a klidnější formy, lépe přizpůsobené náročné práci v chladném a nebezpečném horském terénu. Ve snaze zmohutnit norika docházelo k zapouštění norických klisen importovanými belgickými, clydesdálskými, holštýnskými a normanskými hřebci. (Ambrož et al. 1957)

V roce 1803 převzal stát péči o rozvoj chovu koní, zřídil připouštěcí stanice a podporoval chovatelské svazy. Došlo ke vzniku několika lokálních rázů. Obecným nedostatkem všech těchto rázů byla malá hloubka hrudi, vysokonohost, špatně vázaná horní linie, krátká hranatá málo svalnatá zad, strmá lopatka, těžká a málo ušlechtilá hlava. V roce 1884 sjednotili chovatelé jednotlivé rázy koní na typ pincgavský, který se tak stal moderním typem norika (Dušek 2007).

Historie norických koní v českých zemích je úzce spjata s jejich využíváním jako tažných koní pro dopravu zboží, zejména soli, po důležité obchodní cestě známé jako „Zlatá stezka“. Noričtí koně byli ceněni pro svou vytrvalost a houževnatost, nicméně původní rakouští norici trpěli určitými exteriérovými vadami, jako je prohnutý hřbet a nedostatečně mohutné svalstvo.

V českých zemích se noričtí koně dostávali již od středověku, ale jejich oficiální chov začal až v roce 1868 v oblasti státního hřebčince v Písku. V příhraniční oblasti jižních Čech se noričtí koně vyskytovali dávno předtím, protože byli používáni jako tažní koně při přepravě zboží. Větší dovoz norických hřebců nastal v letech 1892 až 1923 a opět v roce 1943, kdy se dováželi z Rakouska i Bavorska (Svaz chovatelů a přátel norika 2025)

Slezský norik vznikl ze slezských klisen, které byly původně zušlechtovány norfolkskými hřebci. Tyto klisny byly později opakovaně zapouštěny původními norickými hřebci, což vedlo k vyhlazovacímu křížení a postupnému vzniku rázu slezského norika. Zakladateli genealogických linií tohoto plemene byli hřebci jako 41 Norbert, 419 Bravo, 2526

Holl-rieger, 2262 Gothenscherz, 12 Pfeirling a 342 Dietrich. Postupným zkřížením různorodé populace klisen, zahrnující i teplokrevné jedince, a cílenou plemenitbou s využitím původů zakladatelů, vzniklo plemeno chladnokrevných koní, které se morfologicky liší od původního norického koně. Slezský norik je zařazen do genetického zdroje koní v České republice a jeho chov je založen na hřebčinském typu v Klokočově u Opavy (Dušek 2007)

V sedmdesátých a osmdesátých letech 20. století, došlo ke spojení českých chladnokrevných plemen ve snaze vytvořit jedno chladnokrevné plemeno s názvem český chladnokrevník. Což vedlo k promíšení genetického materiálu populací (Misař 2011).

4.7.2 Studie zabývající se genetickými vzdálenostmi mezi chladnokrevnými koňmi v ČR

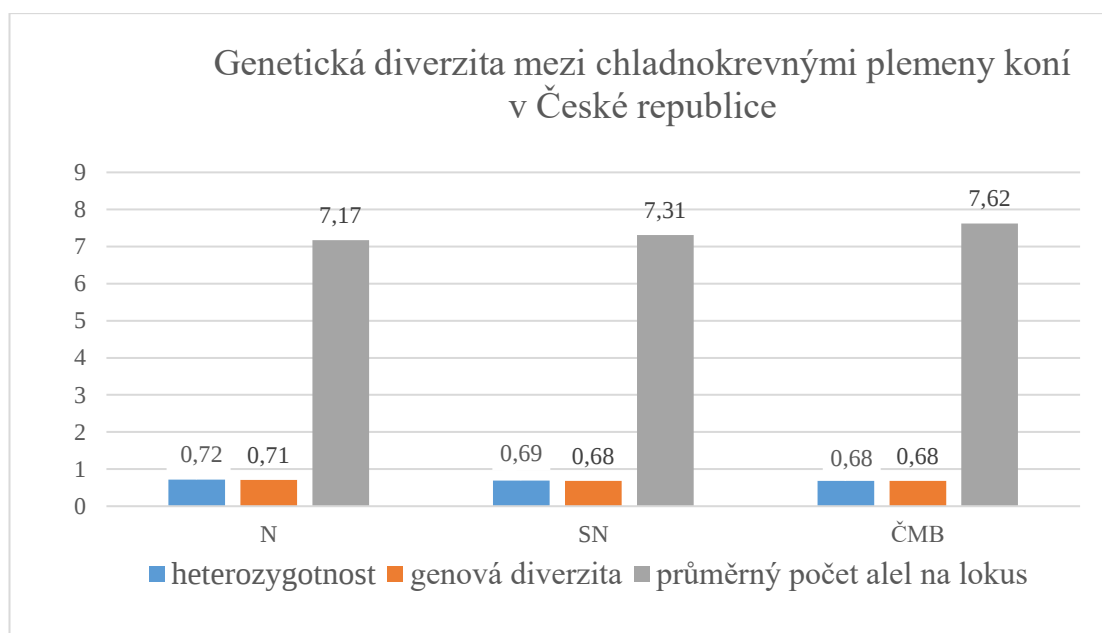
Studie se zaměřují na genetickou diverzitu a vzdálenosti mezi chladnokrevnými plemeny koní v České republice, konkrétně mezi slezským norikem, českým norikem a českomoravským belgickým koněm. Tyto studie poukazují na nízkou genetickou diferenciaci mezi těmito plemeny, což je patrné z nízkých hodnot Wrightova F_{ST} (Vostrá-Vydrová et al.; 2018; Vostrý 2018; Vostrá-Vydrová et al. 2016).

Mezi SN a N existuje velmi malá genetická vzdálenost, s hodnotami F_{ST} v rozmezí 0,004 až 0,006 (Vostrá-Vydrová et al. 2016). To naznačuje, že mezi těmito dvěma plemeny je vysoká úroveň genetické promíšenosti, pravděpodobně způsobená jejich historickým chovatelským využitím a geografickou blízkostí (Hofmanová et al. 2014). Mezi SN a CMB je genetická vzdálenost mírně větší, s hodnotami F_{ST} kolem 0,019 až 0,0665 (Vostrá-Vydrová et al. 2018; Vostrá-Vydrová et al. 2016). To svědčí o tom, že i mezi těmito plemeny existuje určitá úroveň genetického míchání, i když nižší než mezi SN a N.

Dle Vostré-Vydrové et al. (2018) se populace dělí do dvou hlavních klastrů, jeden pro CMB a druhý pro SN a N. To odpovídá historickému vývoji a geografickému rozložení plemen. Vysoká úroveň genetické promíšenosti, zejména mezi SN a N, byla způsobena historickými chovatelskými praktikami a geografickou blízkostí. Hodnoty heterozygotnosti a genetické diverzity byly podobné napříč plemeny, což svědčí o dostatečné genetické variabilitě.

Studie také ukázala, že většina genetické variability je vysvětlena rozdíly mezi jednotlivci uvnitř plemen, nikoli rozdíly mezi plemeny samotnými. To naznačuje, že populace SN a N jsou geneticky velmi blízké a lze je považovat za součást stejné populace (Vostrá-Vydrová et al. 2016). Tyto výsledky jsou důležité pro řízení programů ochrany genetických zdrojů a minimalizaci ztráty genetické variability (Vostrá-Vydrová et al. 2018).

Celkově tyto studie naznačují, že chladnokrevná plemena v České republice vykazují nízkou úroveň genetické diferenciaci a vysoký genový tok, což je důležité pro budoucí chovatelské strategie a programy ochrany genetických zdrojů koní.



Graf 1: Genetická diverzita mezi chladnokrevnými plemeny koní v ČR (Vostrá-Vydrová 2018)

4.8 Tělesná stavba a její genetické aspekty

Hlavním cílem chovatelů zvířat a šlechtitelských organizací je zlepšovat genetický potenciál zvířat v průběhu generací. Tělesná stavba vykazuje fyzické vlastnosti zvířete odpovídající uspořádání kostí, svalů a dalších tkání v těle. Znaky tělesné konstituce se tedy podílejí na tělesných mírách. Chovatelé koní se zajímají o znaky tělesné stavby, protože korelují se zdravotními, a výkonnostními znaky zvířat. Proto jsou tyto znaky důležité a mohou se podílet na hodnocení koní (Ghavi Hossein-Zadeh 2021).

4.8.1 Hodnocení tělesné stavby

Hodnocení tělesné stavby koní lze provádět různými metodami, které se liší v objektivitě, přesnosti a praktičnosti. Tradiční přístupy zahrnují subjektivní posuzování, bodové hodnocení a objektivní měření pomocí nástrojů jako jsou měrná hůl, pásmo a goniometry (Duberstein, 2016). Tyto metody však mají i své nevýhody, mezi ně patří například ruční měření, které může být časově náročné a potenciálně nebezpečné kvůli blízkému kontaktu člověka s koněm (Matsuura et al. 2024). Zatímco subjektivní hodnocení, ačkoli se považuje za praktičtější, trpí nízkou opakovatelností a přesností vzhledem k závislosti na zkušenostech a úsudku hodnotitele.

V posledních letech se proto rozvíjejí objektivnější a praktičtější metody hodnocení tělesné stavby koní. Jednou z nich je analýza obrazu, která umožňuje získat přesné měření bez přímého kontaktu se zvířetem. Tato metoda využívá standardizované fotografie koně, které jsou následně analyzovány pomocí specializovaného softwaru (Freitag et al. 2021).

Základní znaky mohou být buď měřeny, nebo hodnoceny bodovým systémem, což závisí na konkrétních chovatelských cílech. Při bodovém hodnocení hodnotitelé vyjadřují subjektivní posouzení správnosti daného znaku.

V některých plemenech koní byl v 90. letech zaveden systém lineárního popisu, který původně vznikl u dojeného skotu (Folla et al. 2020). Lineární popis znaků tělesné stavby a typu je klíčový prvkem ve šlechtitelských programech chladnokrevných koní v ČR, jehož cílem

je zachování specifičnosti plemene v budoucích generacích. Lineární popis se ukazuje jako účinný nástroj k dosažení šlechtitelského cíle s ohledem na tělesnou stavbu (Vostrý et al. 2017). V rámci lineárního popisu se hodnotí 22 morfologických znaků, které byly popsány pomocí lineárních typových znaků, zahrnujících faktory jako typ, rozsah, ušlechtilost, délka krku, nasazení krku, délka kohoutku, délka hřbetu, tvar hřbetu, délka beder, tvar beder, délka zádi, sklon zádi, lopatka, přední končetiny, přední kopyto, postoj zadních končetin, kloub, zadní kopyto, šířka těla, tvar beder, prostornost kroku a klusu. K hodnocení vývoje těchto znaků se využívá lineární škála od 1 do 9 (Vostrý et al. 2009).

Dle Čecha & Švába (2015) se mezi základní tělesné míry, které se běžně zjišťují u koní a jsou součástí chovného cíle v rámci standardů plemene, řadí:

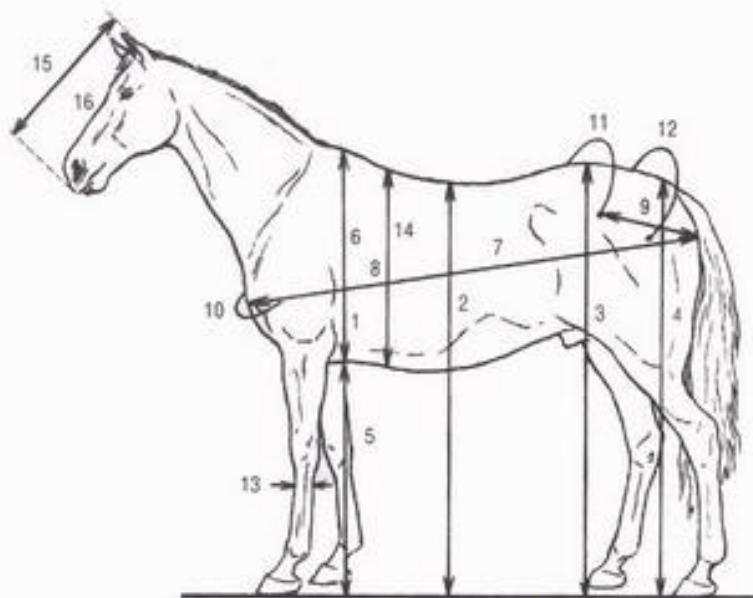
Kohoutková výška pásková (KVP) – Měří se páskovou mírou od vnější patky levé přední končetiny k nejvyššímu bodu kohoutku. Tento parametr je důležitý pro určení celkové velikosti koně, což je kladeno jako požadavek u většiny plemen.

Kohoutková výška hůlková (KVH) – Měří se hůlkovou mírou jako kolmá vzdálenost od nejvyššího bodu kohoutku až k zemi. Tato výška je častěji používána pro určení výšky koně z hlediska standardu plemene.

Obvod hrudníku (OH) – Tento rozměr se měří páskovou mírou za lopatkou a kohoutkem, což je důležitý ukazatel pro stanovení velikosti hrudníku a objemu těla koně, což má vliv na jeho dýchací kapacitu a kondici.

Obvod holeně (Ohol) – Měří se páskovou mírou s milimetrovým dělením v nejslabším místě holeně, což je obvykle v přechodu horní třetiny holeně do druhé třetiny. Tento rozměr poskytuje informaci o síle a robustnosti končetiny.

Tělesné míry jsou nezbytné pro hodnocení konformace koní a zajišťují, že zvířata odpovídají požadavkům daného plemene (Padilha et al. 2017).



Obrázek 3: Schéma měření tělesných rozměrů: 1- Kohoutková výška, 2- výška v sedle, 3- výška v kříži, 4- výška kořene ohonu, 5- výška hrudní kosti od země, 6- hloubka hrudi, 7- délka těla, 8- délka hrudníku, 9- délka pánve, 10- šířka hrudníku, 11- přední šířka pánve, 12- střední šířka pánve, 13- obvod holeně, 14- obvod hrudi, 15- lineární délka hlavy, 16- nelineární délka hlavy (zdroj: Dušek 2007)

4.8.2 Dědivost tělesných rozměrů

Studie ukazují (Signer-Hasler et al. 2012; Makvandi-Nejad et al. 2012; Vostrým et al. 2011), že tělesné rozměry koní jsou vysoce dědivé, přičemž heritabilita některých znaků může dosahovat až 70 %. Studie Makvandi-Nejad et al. (2012) zabývající se genomovými asociacemi (GWAS) odhalila, že proměnlivost ve velikosti koní může být z velké části vysvětlena genetickou variabilitou na pouhých čtyřech lokusech. Tyto lokusy zahrnují geny LCOR, HMGA2 a ZFAT, což jsou geny, které hrají klíčovou roli v regulaci tělesné velikosti koní a dalších savců (Signer-Hasler et al. 2012).

Studie Druml et al. (2008) analyzovala heritabilitu 37 tělesných znaků u norika. Heritabilita se pohybovala od 0 (výška hřbetu) do 0,67 (výška v kohoutku), přičemž výška v kohoutku byla nejvíce dědivá ($h^2=0,67$). Další znaky, jako obvod hrudníku ($h^2=0,35$) a obvod holeně ($h^2=0,39$), vykazovaly střední hodnoty heritability. Naopak znaky jako výška zádí ($h^2=0,08$) měly nízkou heritabilitu, což může být způsobeno malou velikostí vzorku. Výsledky ukazují, že znaky spojené s velikostí a robustností těla mají vyšší potenciál pro genetické zlepšení než znaky související s proporcemi nebo úhly končetin.

Studie Signer-Hasler et al. (2012), zaměřená na koně plemeno Franches-Montagnes, odhadla heritabilitu výšky v kohoutku na $h^2=0,72$, což je vysoká hodnota naznačující velký genetický vliv na proměnlivost tohoto znaku. Genetická analýza také identifikovala dvě QTL oblasti na chromozomech ECA 3 a ECA 9, které dohromady vysvětlují 18,2 % genetické variability výšky v kohoutku. Tyto oblasti byly rovněž spojeny s dalšími znaky, jako je délka hřbetu a zádí.

Folla et al. (2020) analyzovali heritabilitu lineárních typových znaků u italských chladnokrevných koní ve věku 30 měsíců. Nejvyšší hodnoty heritability byly zaznamenány u rámce těla ($h^2=0,40$), velikosti hlavy ($h^2=0,31$) a průměru hrudníku ($h^2=0,31$). Naopak znaky spojené s korektním utvářením končetin měly nízké hodnoty heritability ($h^2=0,03-0,12$).

4.8.2.1 Dědivost tělesných rozměrů u českých chladnokrevných plemen koní

Dědivost tělesných rozměrů u chladnokrevných koní je významným aspektem v chovatelství a šlechtění těchto plemen. Studie provedená Vostrým et al. (2011) na českých chladnokrevných koních odhalila, že koeficienty dědivosti (heritability) pro jednotlivé tělesné znaky se pohybují v rozmezí od 0,11 do 0,55. Tyto výsledky naznačují, že existuje značný potenciál pro genetické zlepšování tělesných rozměrů prostřednictvím selekce.

Při hodnocení tělesných rozměrů se často využívá lineární popis exteriéru, který zahrnuje hodnocení 22 morfologických znaků a 4 tělesných měr. Mezi nejvýznamnější tělesné míry patří kohoutková výška měřená hůlkou (KVH) a páskou (KVP), obvod hrudníku a obvod holeně, přičemž heritabilita těchto znaků je poměrně vysoká. Například u českých chladnokrevných koní byla zjištěna heritabilita pro KVH (hůlkou) 0,587, pro KVP (páskou) 0,450, pro obvod hrudníku 0,362 a pro obvod holeně 0,427 (Vostrý et al. 2017).

Heritabilita některých exteriérových znaků může být nižší než u tělesných měr. Například u českých chladnokrevných koní byla zjištěna heritabilita pro typ 0,167, pro tělesný rámec 0,170 a pro ušlechtilost pouze 0,084. Tyto hodnoty naznačují, že selekce na základě těchto znaků může být méně efektivní než selekce založená na tělesných mírách.

Studie provedená na norských chladnokrevných klusácích potvrdila, že heritabilita tělesných měr je podobná hodnotám zjištěným u jiných plemen koní (Dolvik & Klemetsdal 1999). Toto zjištění naznačuje, že genetické mechanismy ovlivňující tělesné rozměry mohou být do značné míry konzervovány napříč různými plemeny chladnokrevných koní.

Je třeba poznamenat, že při hodnocení dědivosti tělesných rozměrů je důležité brát v úvahu i vliv prostředí a management chovu. Studie na českých chladnokrevných koních ukázala, že rok narození má statisticky významný vliv na utváření morfologie u těchto plemen, což zdůrazňuje potřebu zohlednit environmentální faktory při genetickém hodnocení.

4.8.3 Genetické korelace mezi tělesnými znaky

Genetické korelace mezi tělesnými znaky koní vykazují komplexní vztahy, které mají významný vliv na jejich tělesnou stavbu, výkonnost a zdraví. Studie odhalily široké rozpětí hodnot těchto korelací, pohybující se od -0,63 do 0,97 u chladnokrevných plemen (Vostrý et al. 2011) a od -0,47 do 0,92 u teplokrevných koní pro lineární popisné znaky a výkonnostní charakteristiky (Novotná et al. 2022).

Nejvyšší genetická korelace byla zjištěna mezi prostorností kroku a klusu, což naznačuje silnou genetickou provázanost těchto pohybových charakteristik. Tato zjištění podporují hypotézu, že selekce na jeden z těchto znaků bude mít pozitivní vliv i na druhý znak (Vostrý et al. 2017).

Výška v kohoutku vykazuje vysoké a významné genetické korelace s většinou ostatních znaků tělesné stavby. Hodnoty se pohybují od 0,455 (s šířkou hrudníku) do 0,942 (s výškou v kříži). Naopak genetické korelace mezi výškou v kohoutku, postojem končetin a utvářením kopyt jsou nízké. Tyto výsledky naznačují, že selekce na výšku může mít menší vliv na utváření končetin (Hosseini-Zadeh 2021).

Obvod hleně vykazuje střední až vysoké genetické korelace s ostatními konformačními znaky, s hodnotami od 0,382 (s šířkou hrudníku) do 0,688 (s výškou v kříži). Genetické korelace mezi obvodem hleně a obvodem hrudníku a délkou těla jsou nevýznamné (Ghavi Hosseini-Zadeh 2021).

U německých sportovních koní byly zjištěny i negativní genetické korelace mezi některými radiografickými nálezy a výkonnostními či konformačními znaky. Například mezi deformující artritidami v hlezenních kloubech a cvaletem či skokovými schopnostmi. Tyto poznatky zdůrazňují důležitost komplexního přístupu ke šlechtění koní, který bere v úvahu vzájemné vztahy mezi různými znaky a jejich potenciální dopady na zdraví a výkonnost zvířat (Stock 2006).

Genetické korelace také naznačují, že selekce často favorizuje větší koně ve všech věkových kategoriích, což může mít důsledky pro budoucí šlechtitelské strategie. Vysoká korelace mezi výškou norických koní a typem naznačuje tendenci chovatelských organizací upřednostňovat větší koně (Kasarda et al. 2019).

Komplexní pochopení těchto genetických vztahů je klíčové pro vývoj efektivních šlechtitelských strategií, které berou v úvahu nejen jednotlivé znaky, ale i jejich vzájemné interakce a celkový dopad na zdraví a výkonnost koní.

5 Metodika

V praktické části bakalářské práce byla analyzována souvislost mezi základními tělesnými parametry a příslušností k jednotlivým rodinám v rámci plemene ČMB. Data pro tuto analýzu pocházela z měření provedených během výkonnostních zkoušek a byla získána z Ústřední evidence koní.

Pro získání základního přehledu o datech byly vypočteny základní popisné statistiky, jako průměr, medián a směrodatná odchylka, a také korelace mezi jednotlivými znaky, které poskytly první náhled na vztahy mezi proměnnými. Pro detailnější analýzu tělesné stavby byly následně využity pokročilé statistické metody, přičemž klíčovou roli hrála analýza rozptylu (ANOVA), která umožnila identifikovat a vyhodnotit rozdíly mezi tělesnými parametry a dosaženým bodovým hodnocením za exteriér a výkon mezi vybranými rodinami. Kromě rodinové příslušnosti byl testován i vliv roku narození klisny. Pro všechny testy byla uvažována hladina významnosti $\alpha = 0,05$. Pro výpočty byly použity programy MS Excel a STATISTICA 12.

5.1 Data

Pro přehled o rodinách v chovu byly zmapovány genealogické informace od jednotlivých zakladatelek rodin. Celkem bylo zaznamenáno 16 rodin s celkovým počtem 294 klisen. Zde byly zahrnuty i méně početné rodiny včetně klisen které neabsolvovaly výkonnostní zkoušky.

Pro analýzu byla použita data naměřená během výkonnostních zkoušek z období 2000 – 2023. V souboru dat se vyskytují pouze klisny, které plnily výkonnostní zkoušky během těchto let a byly zařazeny do chovu. Z těchto jedinců byly následně vybrány pouze rodiny, které měly více než deset klisen, které během let 2000–2023 plnily výkonnostní zkoušky. Celkem se jedná o 238 klisen z devíti rodin. U každé klisny, která se účastnila výkonnostních zkoušek byly vždy měřeny základní tělesné míry (KVH, KVP, OH, Ohol). Dále byly u klisen uvedeny body za výkon a exteriér. Některé klisny tuto hodnotu neměly stanovenou, a proto mají v zootechnických údajích v plemenné knize zapsanou nulu. Pro analýzu v této bakalářské práci byla nula uvažována jako chybějící údaj.

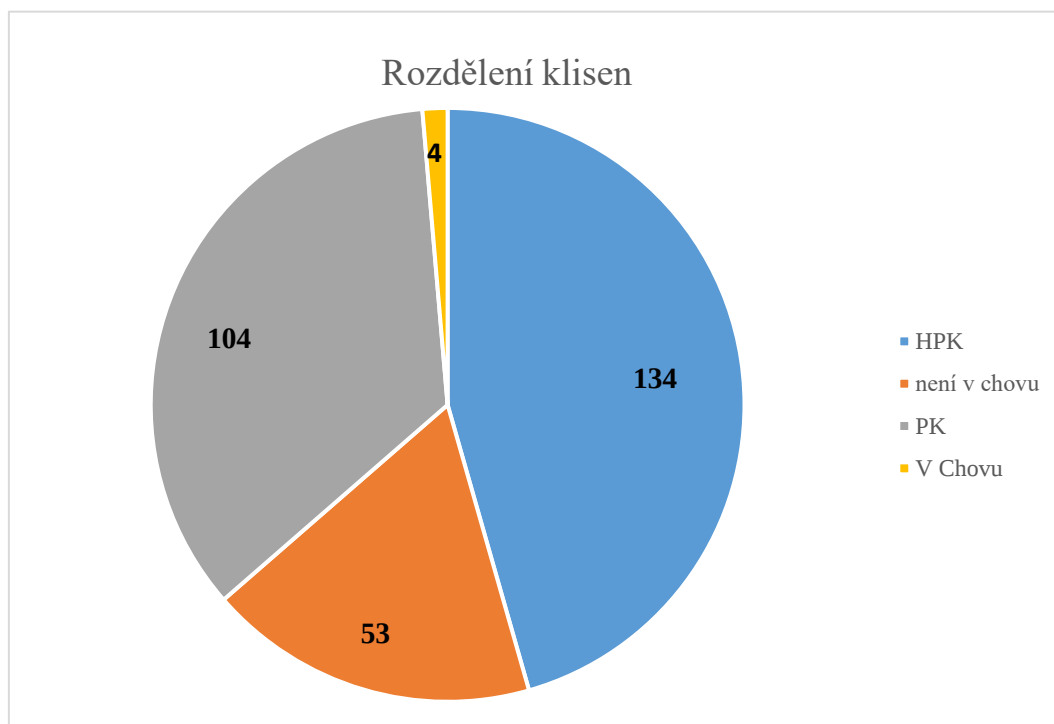
Tabulka 4: Nejpočetnější rodiny v chovu ČMB (vlastní výpočet)

	Nejpočetnější rodiny	Počet jedinců
1.	Aida VČ592	17
2.	Brita VČ 917	43
3.	Damita 147	28
4.	Drahoslava 1	13
5.	Květuše JM 404	67
6.	Marica 12-2933	20
7.	Matrona 123	12
8.	Miluše JM429	16
9.	Minda JM469	36

6 Výsledky a diskuse

6.1 Rodiny v chovu ČMB

V šestnácti rodinách se celkem nacházelo 294 klisen. Výkonnostních zkoušek se zúčastnilo 238 klisen, z nichž 134 bylo zařazeno do hlavní plemenné knihy (HPK) a 103 bylo zapsáno do plemenné knihy (PK). Některé klisny se výkonnostních zkoušek nezúčastnily z různých důvodů, a proto byly vyňaty z hodnocení rozdílů mezi rodinami. Celkově šlo o 57 jedinců. Z těchto klisen však byly čtyři zařazeny do chovu i bez splnění výkonnostních zkoušek.



Graf 2: Rozdělení klisen v rámci získaných hodnot o populaci ČMB

6.2 Popisná statistika

Základní popisné statistiky pro všechny sledované proměnné jsou uvedeny v tabulce 5. Kohoutková výška byla měřena dvěma metodami, hůlkou (KVH) a páskou (KVP). Celkem bylo změřeno 238 klisen. Průměrná hodnota KVH činila 162 cm, zatímco průměrná hodnota KVP dosáhla 173 cm. Střední hodnota byla 161 cm pro KVH a 173 cm pro KVP, což naznačuje, že většina klisen se pohybovala kolem těchto hodnot. Nejčastější hodnoty byly 160 cm pro KVH a 175 cm pro KVP. Minimální naměřené hodnoty byly 155 cm (KVH) a 163 cm (KVP), zatímco maximální hodnoty dosáhly 173 cm (KVH) a 190 cm (KVP). Variační koeficient byl nízký (KVH: 2,41 %, KVP: 2,57 %), což svědčí o malé variabilitě těchto charakteristik tělesné stavby.

Obvod hrudníku byl měřen u stejného počtu klisen (238). Průměrná hodnota činila 206 cm, medián byl 206 cm a modus dosáhl 200 cm. Nejmenší naměřený obvod hrudníku byl 180 cm a největší 235 cm. Variační koeficient činil 5,31 %, což naznačuje nízkou variabilitu. Hodnoty obvodu hrudníku jsou tedy poměrně vyrovnané a blízké průměru.

Obvod holeně byl rovněž měřen u všech 238 klisen. Průměrná hodnota byla 23 cm, medián i modus dosáhly shodně hodnoty 23 cm. Nejmenší zaznamenaná hodnota byla 20,5 cm a největší 26 cm. Variační koeficient 3,61 % opět ukazuje na nízkou variabilitu.

Body za exteriér byly hodnoceny u celkem 214 klisen. Průměrná hodnota činila 7,50 bodu, medián i modus dosáhly hodnoty 7,5 bodu. Nejnížší zaznamenaná hodnota byla 6,25 bodu a nejvyšší naměřená hodnota činila 8,8 bodu. Variační koeficient byl 6,62 %, což naznačuje nízkou variabilitu v hodnocení exteriéru. Výsledky ukazují na poměrně homogenní rozložení bodového hodnocení mezi jednotlivými klisnami.

Body za výkon byly přiděleny u celkem 207 klisen. Průměrná hodnota dosáhla 7,84 bodu, střední hodnota byla téměř totožná s hodnotou 7,84 bodu a nejčastější hodnota činila 7,9 bodu. Nejnížší zaznamenaná hodnota byla 6,1 bodu a nejvyšší naměřená hodnota dosáhla až na úroveň 9,55 bodu. Variační koeficient 7,82 % naznačuje vyšší variabilitu této charakteristiky ve srovnání s ostatními sledovanými parametry. Tento výsledek poukazuje na větší rozdíly mezi jednotlivými jedinci v oblasti výkonnostního hodnocení.

Průměrné hodnoty KVH a KVP byly blízko mediánu a modusu, což svědčí o normálním rozložení dat. Naopak nejvyšší variabilita byla pozorována u obvodu hrudníku, což by mohlo souviset s genetickými rozdíly mezi rodinami, jak bylo potvrzeno v dalších analýzách.

Tabulka 5: Popisná statistika pro klisny z nejpočetnějších rodin

Proměnná	Počet jedinců	Průměrná hodnota	Modus	Medián	Minimum	Maximum	Variační koeficient
KVH	238	161,66	160	161	155	173	2,41
KVP	238	173,02	175	173	163	190	2,57
OH	238	205,64	200	206	180	235	5,31
Ohol	238	23,03	23	23	20,5	26	3,61
body exteriér	214	7,50	7,5	7,5	6,25	8,8	6,62
body výkon	207	7,84	7,9	7,84	6,1	9,55	7,82

6.3 Korelační analýza

Hodnoty korelačních koeficientů mezi jednotlivými znaky jsou uvedeny v tabulce č. 6. Korelační analýza sledovaných znaků u klisen plemene ČMB odhaluje zajímavé vztahy mezi těmito charakteristikami. Nejprve je patrná silná pozitivní korelace mezi kohoutkovou výškou měřenou hůlkou a kohoutkovou výškou měřenou páskou, s koeficientem $r = 0,86$. To znamená, že vyšší hodnoty KVH jsou obvykle doprovázeny vyššími hodnotami KVP. Vysokou korelaci mezi KVH a KVP lze vysvětlit skutečností, že obě metody měří stejnou anatomickou strukturu, tj. výšku koně v oblasti kohoutku, pouze se liší v metodě měření. Navíc, přesnost měření je ovlivněna zkušeností měřícího člověka a standardizací postupu, což může také přispět k vysoké korelaci mezi KVH a KVP. Celkově lze říci, že vysoká korelace mezi KVH a KVP je důsledkem skutečnosti, že obě metody měří stejnou charakteristiku a jsou prováděny s cílem získat co nejpřesnější údaje o výšce koně.

KVH vykazuje střední pozitivní korelaci s obvodem hrudi a obvodem holeně, se shodnými koeficienty $r = 0,48$. To indikuje, že s rostoucí KVH se obvod hrudi i holeně

zvyšují, ale vztah není tak těsný jako mezi KVH a KVP. Průkazná korelace mezi kohoutkovou výškou a obvodem holeně je poměrně častým jevem. To lze vysvětlit tím, že čím je jedinec vyšší, tím je ve většině případů také těžší, a proto potřebuje výraznější oporu těla. Těžší jedinci vyžadují silnější končetiny, aby mohli efektivně nést svou váhu a udržovat stabilitu, což se odráží ve větším obvodu holeně. KVH má také střední pozitivní korelaci s body za exteriér ($r = 0,48$), což naznačuje, že vyšší KVH je spojena s lepším exteriérem. U norických koní byla zjištěna silná vazba mezi kohoutkovou výškou a plemenným typem, což odráží systematickou preferenci mohutnějších jedinců v chovných programech (Kasarda et al. 2019). Naopak, vztah mezi KVH a body za výkon je téměř zanedbatelný s koeficientem $r = 0,07$. Ve všech případech se jednalo o fenotypové korelace, genetické korelace nebylo možné odhadnout kvůli příliš malému souboru jedinců.

KVP vykazuje střední až silnou pozitivní korelaci s obvodem hrudi (0,65), což znamená, že s rostoucí KVP se obvod hrudi zvyšuje. Střední pozitivní korelace je také pozorována mezi KVP a obvodem holeně (0,59) a mezi KVP a body za exteriér (0,57). To naznačuje, že vyšší KVP je spojen s lepším exteriérem a mírně větším obvodem holeně. Vztah mezi KVP a body za výkon je slabý s koeficientem 0,19.

Obvod hrudi má střední pozitivní korelaci s obvodem holeně (0,46) a s body za exteriér (0,52), což indikuje, že s rostoucím obvodem hrudi se obvod holeně mírně zvyšuje a exteriér se zlepšuje. Naopak, vztah mezi obvodem hrudi a body za výkon je slabý (0,20).

Obvod holeně vykazuje střední pozitivní korelaci s body za exteriér (0,45), ale velmi slabou korelaci s body za výkon (0,11). To znamená, že s rostoucím obvodem holeně se exteriér mírně zlepšuje, ale vztah k výkonu je téměř zanedbatelný.

Nakonec, vztah mezi body za exteriér a body za výkon je slabý s koeficientem 0,24, což naznačuje, že estetické hodnocení exteriéru nemusí nutně odrážet výkonnostní schopnosti klisen. Tento poznatek je důležitý pro šlechtitelské programy, které by měly brát v úvahu oba parametry samostatně.

K podobným výsledkům dospěl ve své studii Hossein-Zadeh (2021) zabývající se různými plemeny koní. Potvrzuje významné genetické korelace mezi výškou v kohoutku a dalšími tělesnými znaky u koní, což naznačuje společný genetický základ těchto charakteristik. Nejvyšší genetická korelace byla zjištěna mezi výškou v kohoutku a výškou v kříži, dosahující hodnoty 0,94. Významná korelace byla také zaznamenána mezi výškou v kohoutku a obvodem hrudníku (0,72), což podtrhuje úzký vztah mezi těmito dvěma parametry. Korelace se šířkou hrudníku činila 0,46, zatímco obvod holeně vykazoval korelaci 0,65.

Tabulka 6: Korelace mezi znaky

	KVH	KVP	OH	Ohol	Body za exteriér	Body za výkon
KVH	1					
KVP	0,86	1				
OH	0,48	0,65	1			
Ohol	0,48	0,59	0,46	1		
Body za exteriér	0,48	0,57	0,52	0,45	1	
Body za výkon	0,07	0,19	0,20	0,11	0,24	1

6.4 Rozdíly mezi rodinami a vliv roku narození

Statisticky významné rozdíly mezi rodinami byly zaznamenány pouze u kohoutkové výšky hůlkové a u obvodu holeně. U ostatních proměnných (KVP, Ohol, body za exteriér a body za výkon) nebyly nalezeny statisticky významné rozdíly. Vliv roku narození nebyl potvrzen u žádné ze sledovaných proměnných.

6.4.1 Kohoutková výška hůlková

Hodnoty rozdílů kohoutkové výšky hůlkové mezi vybranými rodinami ČMB vycházejí z grafu 4.

Pomocí jednorozměrných testů významnosti byl ověřován vliv roku narození a rodinové příslušnosti na kohoutkovou výšku hůlkovou (KVH). Výsledky ukázaly, že mezi rodinami existují statisticky významné rozdíly v KVH, což naznačuje významný vliv genetických predispozic na tuto charakteristiku.

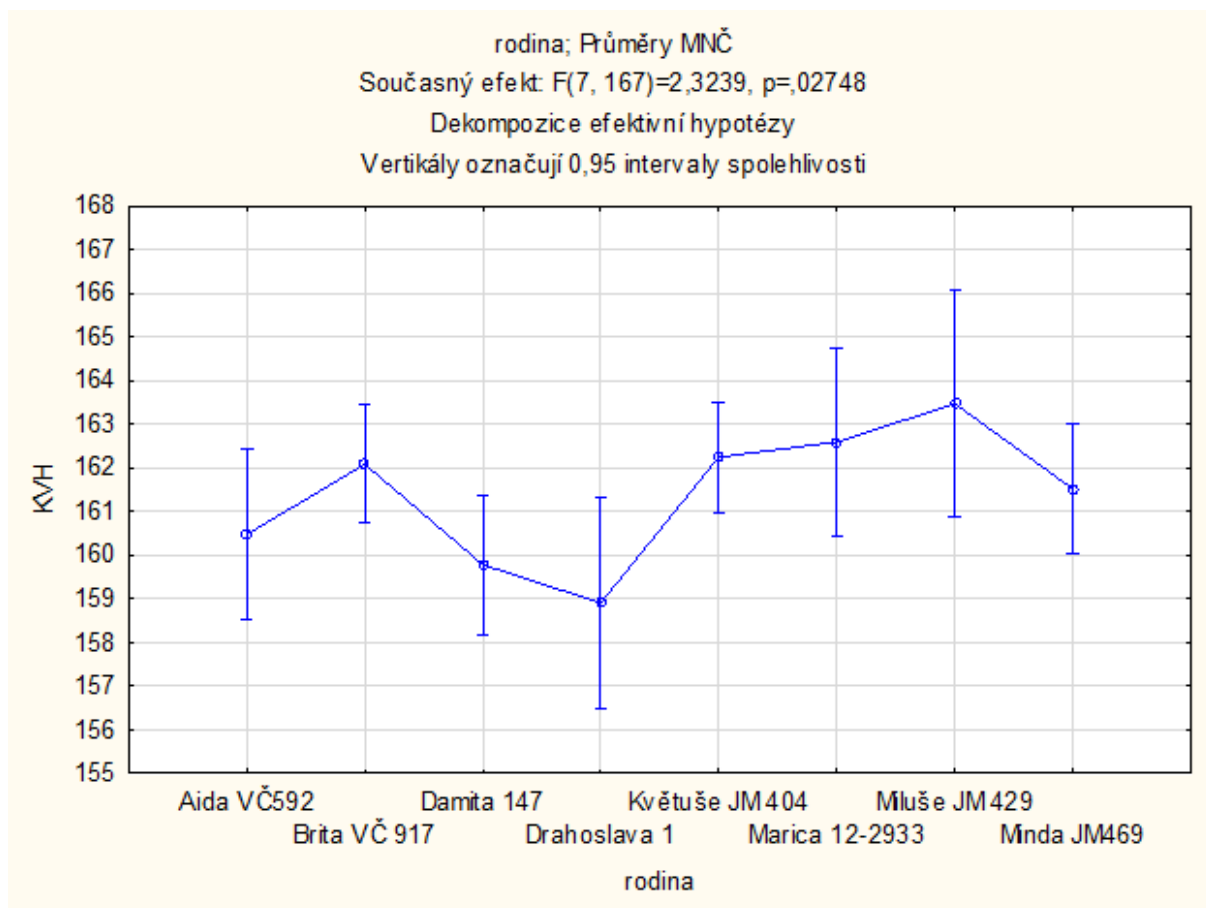
Faktor rodiny se ukázal jako statisticky významný ($SC = 234$, $F = 2,3$, $p = 0,027$), což potvrzuje, že rodinná příslušnost ovlivňuje KVH. Tento vliv může být přičítán genetickým predispozicím nebo sdíleným environmentálním podmínkám v rámci rodiny.

Grafické znázornění průměrných hodnot KVH pro jednotlivé rodiny s 95% intervaly spolehlivosti tyto závěry dále podporuje. Graf č. 4 zobrazuje rozdíly mezi rodinami, přičemž nejvyšší průměrnou KVH vykazuje rodina Miluše JM429, zatímco nejnižší hodnota byla zaznamenána u rodiny Drahoslava 1. Interval spolehlivosti se mezi rodinami liší, ukazuje na přesnost odhadu střední hodnoty, která je primárně ovlivněna velikostí vzorku, tedy počtem klisen v dané rodině. Naopak širší intervaly spolehlivosti se vyskytují u rodin Miluše JM 429 a Drahoslava 1. Naznačují nižší přesnost odhadu, což je způsobeno menším počtem klisen v těchto skupinách. Menší vzorek totiž zvyšuje standardní chybu odhadu, a tím rozšiřuje interval. Naopak užší intervaly spolehlivosti, jako u rodin Brita VČ 917 nebo Květuše JM 404, svědčí o vyšší spolehlivosti odhadu díky většímu počtu klisen v dané rodině. Větší vzorek snižuje standardní chybu a zúží interval.

I když jsou mezi rodinami patrné rozdíly, hodnoty KVH se obecně pohybují v relativně malém rozmezí přibližně 155–168 cm napříč celou zkoumanou populací. Tyto poznatky potvrzují, že kohoutková výška hůlková je významně ovlivněna faktorem rodiny.

Rok narození koně nemá na sledovanou charakteristiku statisticky významný vliv, což lze přičíst skutečnosti, že během sledovaného období nedošlo ke změnám tělesné stavby. Tato skutečnost může být dána i dlouhým generačním intervalem u koní, který se pohybuje mezi 10 až 13 lety. Vzhledem k tomu, že sledované období trvalo pouze 20 let, jedná se o relativně krátký časový úsek, během kterého se výrazné genetické změny v tělesné stavbě nemohly projevit.

Tyto výsledky mohou být cenné pro šlechtitelské programy zaměřené na optimalizaci kohoutkové výšky hůlkové, neboť poukazují na důležitost dědičnosti a rodinové příslušnosti při selekci jedinců pro další chov. Genetické nebo environmentální faktory spojené s rodinou mají významný vliv na tuto charakteristiku, což by mělo být zohledněno při plánování šlechtitelských strategií.



Graf 3: Rozdíly kohoutkové výšky hůlkové mezi vybranými rodinami ČMB

6.4.2 Obvod hrudníku

Hodnoty rozdílů kohoutkové výšky hůlkové mezi vybranými rodinami ČMB vycházejí z grafu 5.

Jednorozměrné testy významnosti pro obvod hrudníku byly zvoleny pro ověření vlivu jednotlivých faktorů, roku narození a rodiny.

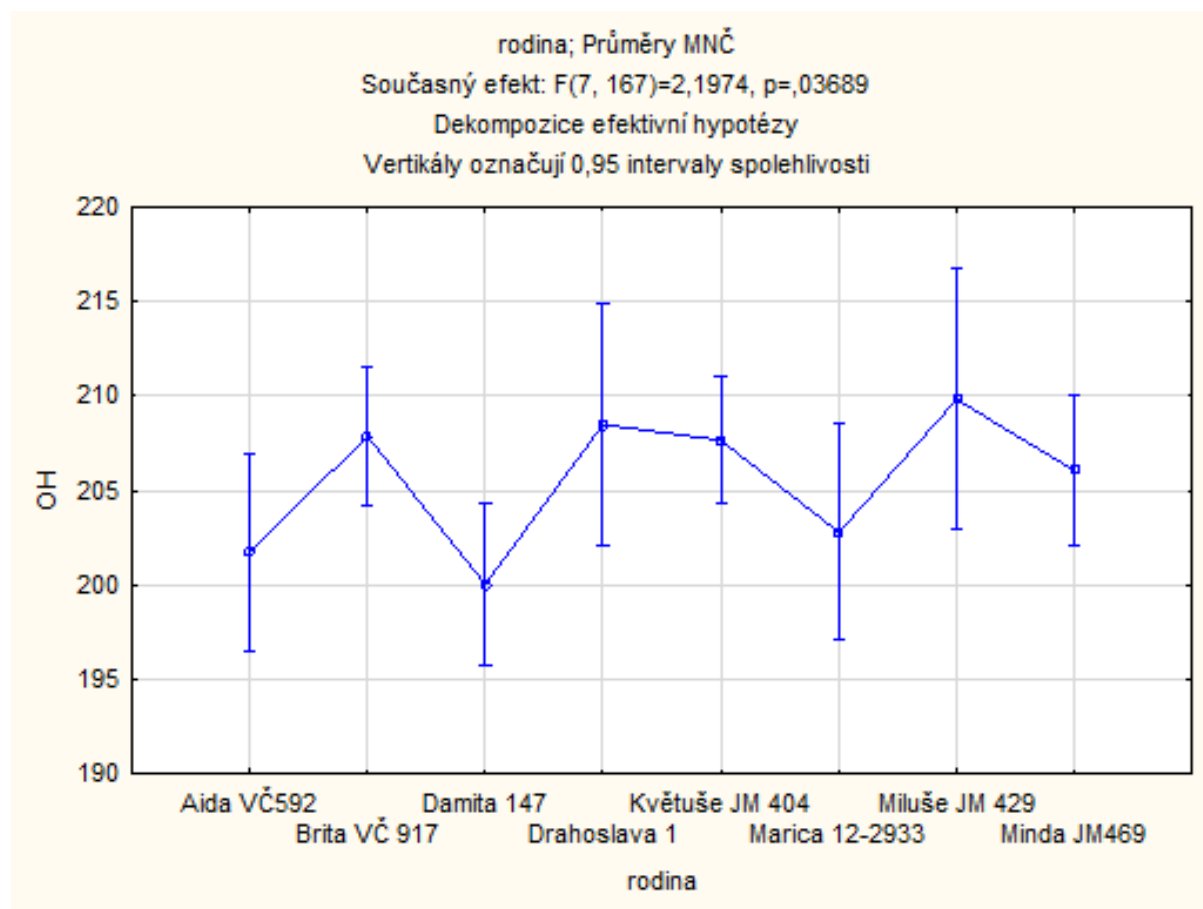
Faktor roku narození má hodnotu $F = 1,35$ a $p = 0,142252$, což naznačuje, že tento faktor není statisticky významný ($p > 0,05$). Rozdíly v obvodu hrudníku mezi jedinci narozenými v různých letech jsou tedy pravděpodobně náhodné a s rokem narození nesouvisí. Naopak faktor rodiny vykazuje hodnotu $F = 2,20$ a $p = 0,036688$, což je pod hranicí zvolené statistické významnosti ($p < 0,05$). Tento výsledek ukazuje, že rodina má statisticky významný vliv na obvod hrudníku. Variabilita vysvětlená faktorem rodiny může být přičítána genetickým predispozicím nebo sdíleným environmentálním podmínkám.

V grafu č. 5 jsou znázorněny střední hodnoty obvodu hrudníku u jednotlivých rodin. Nejvyšší průměrné hodnoty OH byly zaznamenány u rodin Miluše JM429 a Brita VČ917, zatímco nejnižší hodnoty vykazují rodiny Damita 147 a Drahoslava 1.

Vertikální čáry znázorňující intervaly spolehlivosti odrážejí přesnost odhadu střední hodnoty u jednotlivých rodin, která je primárně určena počtem klisen v rodině. Širší intervaly spolehlivosti, například u rodin Drahoslava 1 a Miluše JM 429, signalizují nižší přesnost odhadu způsobenou menším počtem klisen v těchto skupinách. Menší vzorek totiž zvyšuje

standardní chybu odhadu, což vede k rozšíření intervalu. Naopak užší intervaly, jako u rodin Brita VČ 917 nebo Květuše JM 404, ukazují vyšší spolehlivost odhadu díky většímu počtu klisen v dané rodině. Větší vzorek snižuje standardní chybu a zužuje interval.

Celkově lze konstatovat, že obvod hrudníku je statisticky významně ovlivněn faktorem rodiny, což potvrzuje hodnota $F(7, 167) = 2,1974$ s $p = 0,03689$. Tyto výsledky zdůrazňují důležitost genetických nebo environmentálních faktorů spojených s rodinou při formování této charakteristiky. Naproti tomu rok narození nemá na obvod hrudníku statisticky významný vliv. Tyto poznatky mohou být využity při šlechtitelských programech zaměřených na optimalizaci obvodu hrudníku jako důležitého parametru pro výkon nebo exteriér zvířat.



Graf 4: Rozdíly kohoutkové výšky hůlkové mezi vybranými rodinami ČMB

7 Závěr

Cílem této práce bylo zjistit, zda existují rozdíly v tělesné stavbě a výkonnostních parametrech mezi vybranými rodinami plemene českomoravský belgický kůň. Dále byla hodnocena role rodinové příslušnosti při ovlivňování klíčových znaků tělesné stavby a výkonnosti. Literární rešerše této práce se zaměřila na plemeno českomoravský belgický kůň, jeho historický vývoj, charakteristiku, genetickou diverzitu a význam v rámci genových zdrojů České republiky.

V důsledku současného úbytku zájmu o chladnokrevná plemena v České republice, způsobeného změnami ve způsobu využití koní, dochází také k poklesu popularity plemene českomoravský belgický kůň. Omezená velikost populace a uzavřený systém chovu představují faktory, které ovlivňují genetickou rozmanitost a zvyšují riziko spojené s příbuzenskou plemenitbou. V důsledku toho bylo toto plemeno zařazeno do genových zdrojů ČR s cílem zachovat jeho populaci a podpořit chov. Hlavním cílem těchto opatření je udržení co největší genetické diverzity, přičemž se monitorují a udržují linie. Z výsledků této práce vyplývá, že podobný přístup by mohl být přínosný i pro jednotlivé rodiny, což by mohlo dále podpořit genetickou diverzitu plemene.

V práci byla statisticky zpracována data, získaná v letech 2000-2023 během výkonnostních zkoušek klisen. Výsledky ukázaly, že kohoutková výška hůlková (KVH) a obvod hrudníku (OH) jsou statisticky významně ovlivněny faktorem rodiny, což potvrzuje vliv genetických predispozic na tyto parametry. Naopak u dalších sledovaných znaků, jako je kohoutková výška pásková (KVP), obvod holeně (Ohol), body za exteriér a body za výkon, nebyly mezi rodinami zjištěny statisticky významné rozdíly. Z výsledků analýzy dále vyplývá, že v populaci plemene českomoravský belgický kůň došlo k výraznému úbytku zastoupení některých rodin.

Výsledky ukazují, že systematické sledování a podpora jednotlivých rodin by mohly významně přispět k zachování a posílení genetické diverzity plemene. Detailní poznání genetických rozdílů mezi rodinami poskytuje cenné informace pro optimalizaci šlechtitelských programů.

8 Literatura

- Aberle KS, Hamann H, Drögemüller C, Distl O. 2007. Phylogenetic relationships of German heavy draught horse breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop variation. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **124**:94-100.
- Ablondi M, Dadousis C, Vasini M, Eriksson S, Mikko S, Sabbioni A. 2020. Genetic diversity and signatures of selection in a native Italian horse breed based on SNP data. *Animals*, **10**(6), 1005.
- Ahmad H I, Ahmad M J, Jabbar F, Ahmar S, Ahmad N, Elokil A A, Chen J. 2020. The domestication makeup: evolution, survival, and challenges. *Frontiers in Ecology and Evolution* **8**:103. DOI: 10.3389/fevo.2020.00103.
- Al-Samarai FR, Al-Kazaz AA. 2015. Molecular Markers: an Introduction and Applications. *European Journal of Molecular Biotechnology* **9**:118-130.
- Ambrož L, Bílek F, Dušek K, Hartmann K, Král E, Klein H, Koubek K, Lerche F, Michal V, Munk Z, Muller V, Perníčka J, Piša J, Procházka V, Přibíl E, Richtr L, Řechka J, Sejkora K, Steinitz J. 1957. Speciální zootechnika - chov koní. druhé vydání. Státní zemědělské nakladatelství, Praha.
- Aminou O, Badaoui B, Machmoum M, Piro M. 2024. Evaluation of the effectiveness of single nucleotide polymorphisms compared to microsatellite markers for parentage verification in Moroccan horses. *Animal Genetics* **55**:404-409.
- Asociace svazů chovatelů koní České republiky. 2010. Chovný cíl, šlechtitelský program a řád plemenné knihy plemene Českomoravský belgický kůň. Available from <https://www.schcmbk.eu/clanky/svaz/dokumenty-svazu/#kotva> (accessed March 2025)
- Asociace svazů chovatelů koní ČR. 2023. Metodika uchování genetického zdroje zvířat a šlechtitelský program plemene českomoravský belgický kůň. Praha: Asociace svazů chovatelů koní ČR.
- Barnes E. 2010. Review: Genetics and genomics in equine exercise physiology: an overview of the new applications of molecular biology as positive and negative markers of performance and health. *Equine Veterinary Journal* **42**:561-568.
- Berber N, Gaouar S, Leroy G, Kdidi S, Tabet Aouel N, Saïdi Mehtar N. 2014. Molecular characterization and differentiation of five horse breeds raised in Algeria using polymorphic microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **131**:387-394.
- Beuzen ND, Stear MJ, Chang KC. 2000. Molecular markers and their use in animal breeding. *The Veterinary Journal* **160**:42-52.
- Bijma P, Van Arendonk JA, Woolliams JA. 2001. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. *Journal of Animal Science* **79**:840-853.
- Boichard D, Maignel L, Verrier E. 1997. Value of probabilities of gene origin to measure the genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution* **29**:5-23.

- Čech P, Šváb J. 2015. Chov koní: Základní teoretické a praktické aspekty. Vysoká škola zemědělská 2:45-53.
- Dhorne-Pollet S, Barrey E, Pollet N. 2020. A new method for long-read sequencing of animal mitochondrial genomes: application to the identification of equine mitochondrial DNA variants. *BMC Genomics* 21:940. DOI: doi.org/10.1186/s12864-020-07183-9.
- Dolvik NI, Klemetsdal G. 1999. Conformational Traits of Norwegian Cold-blooded Trotters: Heritability and the Relationship with Performance. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* 49:156-162.
- Druml T, Baumung R, Sölkner J. 2008. Morphological analysis and effect of selection for conformation in the Noriker draught horse population. *Livestock Science* 115:118-128.
- Duberstein KJ. 2016. Evaluating Horse Conformation. University of Georgia Cooperative Extension Bulletin 1400.
- Durward-Akhurst S A, Schaefer R J, Grantham B, Carey W K, Mickelson J R, McCue M E. 2021. Genetic variation and the distribution of variant types in the horse. *Frontiers in Genetics* 12:758366. DOI: 10.3389/fgene.2021.758366.
- Dušek J. 2007. Chov koní, druhé vydání. Brázda, Praha.
- Engdawork A, Belayhun T, Aseged T. 2024. The Role of Reproductive Technologies and Cryopreservation of Genetic Materials in the Conservation of Animal Genetic Resources. *Ecological Genetics and Genomics* 31:100177 DOI: 10.1016/j.egg.2024.100250.
- Engel L, Becker D, Nissen T, Russ I, Thaller G, Krattenmacher N. 2021. Exploring the Origin and Relatedness of Maternal Lineages Through Analysis of Mitochondrial DNA in the Holstein Horse. *Frontiers in Genetics* 12:632500. DOI:10.3389/fgene.2021.632500.
- Engel L, Becker D, Nissen T, Russ I, Thaller G, Krattenmacher N. 2022. Mitochondrial DNA Variation Contributes to the Aptitude for Dressage and Show Jumping Ability in the Holstein Horse Breed. *Animals* 12:704.
- Engelmann F, Engels JMM. 2002. Technologies and strategies for ex situ conservation. Pages 89-103 in Engels JMM, Ramanatha Rao V, Brown AHD, Jackson MT, editors. Managing plant genetic diversity. CABI Publishing, Wallingford, UK.
- FAO. 2007. Global Plan of Action for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. FAO, Rome.
- FAO. 2012. Cryoconservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 12. Rome.
- FAO. 2015. Coping with climate change – the roles of genetic resources for food and agriculture. FAO, Rome.
- FAO. 2015. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. FAO, Rome.
- FAO. 2021. World Food and Agriculture - Statistical Yearbook 2021. FAO, Rome.

- Finno CJ, Bannasch DL. 2014. Applied equine genetics. *Equine Veterinary Journal* **46**:538-544.
- Folla F, Sartori C, Mancin E, Pigozzi G, Mantovani R. 2020. Genetic Parameters of Linear Type Traits Scored at 30 Months in Italian Heavy Draught Horse. *Animals* **10**:1099 DOI 10.3390/ani10061099.
- Frankham R, Ballou JD, Briscoe DA. 2010. *Introduction to Conservation Genetics*. 2nd edition. Cambridge University Press, Cambridge.
- Freitag GP, de Lima LGF, Jacomini JA, Kozicki LE, Ribeiro LB. 2021. An Accurate Image Analysis Method for Estimating Body Measurements in Horses. *Journal of Equine Veterinary Science* **101**:103397.
- Genomia. Testy pro koně: Genetický typ, DNA profil koně [online]. Genomia, n.d. Available from <https://www.genomia.cz/cz/test/eq-profile/> (accessed March 2025)
- Ghavi Hossein-Zadeh N. 2021. A meta-analysis of genetic parameter estimates for conformation traits in horses. *Livestock Science* **250**:104209. DOI:10.1016/j.livsci.2021.104209.
- Gurgul A, Jasielczuk I, Semik-Gurgul E, Pawlina-Tyszko K, Szmatoła T, Polak G, Bugno-Poniewierska M. 2020. Genetic Differentiation of the Two Types of Polish Cold-blooded Horses Included in the National Conservation Program. *Animals* **10** DOI: 10.3390/ani10030542.
- Harrison SP, Turrion-Gomez JL. 2006. Mitochondrial DNA: An important female contribution to thoroughbred racehorse performance. *Mitochondrion* **6**:53-66.
- Hiemstra S J, Martyniuk E, Ducheve Z, Begemann, F. 2014. European gene bank network for animal genetic resources (EUGENA). Pages 1–4 in *Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Vancouver, Canada.
- Hirota K-ichi, Kakoi H, Gawahara H, Hasegawa T, Tozaki T. 2010. Construction and Validation of Parentage Testing for Thoroughbred Horses by 53 Single Nucleotide Polymorphisms. *Journal of Veterinary Medical Science* **72**:719-726
- Hofmanová B, Přibáňová M, Majzlík I, Vostrý L, Vostrá H. 2014. Population study of three breeds of cold blooded horses in the Czech Republic. 379-379 in *Book of Abstracts of the 65th Annual Meeting of the European Association for Animal Production*. Brill | Wageningen Academic.
- Hossein-Zadeh N G. 2021. A meta-analysis of genetic parameter estimates for conformation traits in horses. *Livestock Science* **250**:104601. DOI: 10.1016/j.livsci.2021.104601.
- Kasarda R, Moravčíková N, Kadlečík O, Trakovická A, Halo M, Candrák J. 2019. Level of Inbreeding in Norik of Muran Horse: Pedigree vs. Genomic Data. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis* **67**:1457-1463.
- Kim J, et al. 2017. PCR-Based Detection Methods for Single-Nucleotide Polymorphism or Mutation: Real-Time PCR and Its Substantial Contribution Toward Technological Refinement. *International Journal of Molecular Sciences* **18**:2173.

- Kim NY, Son JK, Cho IC, Shin SM, Park SH, Seong PN, Woo JH, Park NG, Park HB. 2018. Estimation of genetic parameters for temperament in Jeju crossbred horses. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* **31**:1098-1102.
- Kołodziejczyk D, Socik M, Socha S. 2020. Importance of breeding and management of cold-blooded horses in terms of their meat utilization. *Acta Scientiarum Polonorum Zootechnica* **18**:63-72.
- Kristensen T N, Hoffmann A A, Pertoldi C, Stronen A. V. 2015. What can livestock breeders learn from conservation genetics and vice versa? *Frontiers in Genetics* **6**:38. DOI: 10.3389/fgene.2015.00038
- Kuhl J, Stock KF, Wulf M, Aurich C, Cameron EZ. 2015. Maternal Lineage of Warmblood Mares Contributes to Variation of Gestation Length and Bias of Foal Sex Ratio. *PLOS ONE* **10** DOI: 10.1371/journal.pone.0139358.
- Laseca N, Anaya G, Peña Z, Pirosanto Y, Molina A, Demyda Peyrás S. 2021. Impaired Reproductive Function in Equines: From Genetics to Genomics. *Animals* **11**:393.
- Lee S-young, Cho G-jae. 2006. Parentage testing of Thoroughbred horse in Korea using microsatellite DNA typing. *Journal of Veterinary Science* **7**:63–68.
- Lin X, Zheng HX, Davie A, Zhou S, Wen L, Meng J, Zhang Y, Aladaer Q, Liu B, Liu WJ, Yao XK. 2018. Association of low race performance with mtDNA haplogroup L3b of Australian thoroughbred horses. *Mitochondrial DNA Part A* **29**:323-330.
- Lin X, Zhou S, Wen L, Davie A, Yao X, Liu W, Zhang Y. 2016. Potential role of maternal lineage in the thoroughbred breeding strategy. *Reproduction, Fertility and Development* **28**. DOI: 10.1071/RD15063.
- Lindgren G. 2001. Genome Mapping in the Horse. Acta Universitatis Upsaliensis, Uppsala.
- Lippold S, Matzke N J, Reissmann M, Hofreiter M. 2011. Whole mitochondrial genome sequencing of domestic horses reveals incorporation of extensive wild horse diversity during domestication. *BMC evolutionary biology* **11**: 1-10.
- Liu S, Yang Y, Pan Q, Sun Y, Ma H, Liu Y, Wang M, Zhao C, Wu C. 2020. Ancient Patrilineal Lines and Relatively High ECAY Diversity Preserved in Indigenous Horses Revealed With Novel Y-Chromosome Markers. *Frontiers in Genetics* **11**:467 DOI: 10.3389/fgene.2020.00467.
- Long JA. 2008. Reproductive Biotechnology and Gene Mapping: Tools for Conserving Rare Breeds of Livestock. *Reproduction in Domestic Animals* **43**:83-88.
- Mahmood K, Hassan M, Channa AA, Ghafoor A, Riaz A. 2024. Comparative analysis of breeding patterns and reproductive efficiency of mares in subtropical conditions of Pakistan. *Veterinary Medicine and Science* **10**: e1582. DOI: <https://doi.org/10.1002/vms3.1582>
- Makvandi-Nejad S, Hoffman G E, Allen J J, Chu E, Gu E, Chandler A M, Loredó A I, Bellone R R, Mezey J G, Brooks S A, Sutter N B. 2012. Four loci explain 83% of size variation in the horse. *PLoS ONE* **7**:e39929. DOI: 10.1371/journal.pone.0039929.

- Maršálek M. Historie chovu norických koní v Čechách a na Moravě. Available from <https://www.svaznorika.org/chov/> (accessed March 2025)
- Mátlová V. 2013. Management of farm animal genetic resources in the Czech Republic. Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha.
- Matsuda K. 2017. PCR-Based Detection Methods for Single-Nucleotide Polymorphism or Mutation. Pages 45-72 in Matsuda K, editor. PCR. Springer, Singapore.
- Matsuura A, Torii S, Ojima Y, Kiku Y. 2024. 3D imaging and body measurement of riding horses using four scanners simultaneously. *Journal of Equine Science* **35**:1-7.
- McCue M E, Bannasch D L, Petersen J L, Gurr J, Bailey E, Binns M M, Distl O, Guérin G, Hasegawa T, Hill E W, Leeb T, Lindgren G, Penedo M C T, Røed K H, Ryder O A, Swinburne J E, Tozaki T, Valberg S J, Vaudin M, Lindblad-Toh K, Wade C M, Mickelson J R. 2012. A high density SNP array for the domestic horse and extant *Perissodactyla*: utility for association mapping, genetic diversity, and phylogeny studies. *PLoS Genetics* **8**:e1002451 DOI: 10.1371/journal.pgen.1002451.
- Misař D. 2011. Vývoj chovu koní v Čechách, na Moravě a na Slovensku. Brázda, Praha.
- MZe ČR. 2014. Koncepce chovu koní v ČR. Available from https://www.aschk.cz/wp-content/uploads/2019/08/koncepce_chovu_koni_2014_0.pdf (accessed March 28, 2025).
- Novotná A, Birovas A, Vostra-Vydrova H, Vesela Z, Vostry L. 2022. Genetic Parameters of Performance and Conformation Traits of 3-Year-Old Warmblood Sport Horses in the Czech Republic. *Animals* **12**:2957 DOI: 10.3390/ani12212957.
- Oldenbroek K. 2023. Utilisation and conservation of farm animal genetic resources. BRILL.
- Oldenbroek, J. K. 2021. The use of genomic information for the conservation of animal genetic diversity. *Animals* **11**:3208. DOI:10.3390/ani11113208.
- Ovaska U, Bläuer A, Kroløkke C, Kjetså M, Kantanen J, Honkatukia M. 2021. The conservation of native domestic animal breeds in Nordic countries: from genetic resources to cultural heritage and good governance. *Animals* **11**:2730 DOI: 10.3390/ani11092730.
- Padilha FGF, Andrade AM de, Fonseca ABM, Godoi FN de, Almeida FQ de, Ferreira AMR. 2017. Morphometric measurements and animal-performance indices in a study of racial forms of Brazilian Sport Horses undergoing training for eventing. *Revista Brasileira de Zootecnia* **46**:25-32.
- Perdomo-González, D. I., Sánchez-Guerrero, M. J., Bartolomé, E., Molina, A., Valera, M. 2024. Designing an early selection morphological traits index for reproductive efficiency in Pura Raza Española mares. *Journal of Animal Science* **102**: skad409. DOI: 10.1093/jas/skad409
- Pilling D, Bélanger J, & Hoffmann I. 2020. Declining biodiversity for food and agriculture needs urgent global action. *Nature Food*, **1**(3), 144-147.

- Příbyl J, Novotná A, Příbylová J, Šichtař J, Vostrá Vydrová H, Vostrý L. 2017. Pravidla uchovávání a využívání v plemenitbě zamrazených pohlavních buněk koní. Výzkumný ústav živočišné výroby, Praha.
- Putnová L, Štohl R, Vrtková I. 2018. Genetic monitoring of horses in the Czech Republic: A large-scale study with a focus on the Czech autochthonous breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, **135**(1): 73-83.
- Putnová L, Štohl R, Vrtková I. 2019. Using nuclear microsatellite data to trace the gene flow and population structure in Czech horses. *Czech Journal of Animal Science* **64**:67-77.
- Ročeň V, Políček B. 2022. Výroční zpráva programu genetického zdroje plemene Českomoravský belgický kůň za rok 2022. Available at <https://www.schcmbk.eu/file/278/vyrocní-zprava-2022.docx> (accessed June, 2024).
- Signer-Hasler H, Flury C, Haase B, Burger D, Simianer H, Leeb T, Rieder S, Weedon MN. 2012. A Genome-Wide Association Study Reveals Loci Influencing Height and Other Conformation Traits in Horses. *PLoS ONE* 7 DOI: 10.1371/journal.pone.0037282.
- Stock K F, Distl O. 2006. Genetic correlations between conformation traits and radiographic findings in the limbs of German Warmblood riding horses. *Genetics Selection Evolution* **38**:657. DOI: 10.1186/1297-9686-38-6-657.
- Syvänen AC. 2001. Accessing genetic variation: genotyping single nucleotide polymorphisms. *Nature Reviews Genetics* **2**:930-942.
- Taberlet P, Coissac E, Pansu J, Pompanon F. 2011. Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes Rendus Biologies* **334**:247-254.
- Toro MA, Mäki-Tanila A. 2017. Genomics reveals domestication history and facilitates breed development. *Genetics Selection Evolution* **49**:1-13.
- Vilà C, Leonard J A, Gotherstrom A, Marklund S, Sandberg K, Lidén K, Ellegren H. 2001. Widespread origins of domestic horse lineages. *Science* **291**(5503): 474-477.
- Vostrá-Vydrová H, Vostrý L, Hofmanová B, Krupa E, Veselá Z, Schmidová J. 2016. Genetic diversity within and gene flow between three draught horse breeds using genealogical information. *Czech Journal of Animal Science* **61**:462-472.
- Vostrá-Vydrová H, Vostrý L, Hofmanová B, Moravčíková N, Veselá Z, Vrtková I, Novotná A, Kasarda R. 2018. Genetic diversity and admixture in three native draught horse breeds assessed using microsatellite markers. *Czech Journal of Animal Science* **63**:85-93.
- Vostrý L, Čapková Z, Andrejsová L, Mach K, Majzlík I. 2009. Linear type trait analysis in Coldblood breeds: Czech-Moravian Belgian horse and Silesian Noriker. *Slovak Journal of Animal Science* **42**(3): 99-106.
- Vostrý L, Čapková Z, Příbyl J, Hofmanová B, Vostrá Vydrová H, Mach K. 2011. Population structure of Czech Cold-Blooded Breeds of Horses. *Archives Animal Breeding* **54**:1-9.

- Vostry L, Vostrá-Vydrová H, Hofmanová B, Veselá Z, Schmidová J, Majzlik, I. 2017. Genetic parameters for linear type traits in three Czech draught horse breeds. *Agriculturae Conspectus Scientificus* **82**(2): 111-115.
- Wallner B, Vogl C, Shukla P, Burgstaller JP, Druml T, Brem G, Ellegren H. 2013. Identification of Genetic Variation on the Horse Y Chromosome and the Tracing of Male Founder Lineages in Modern Breeds. *PLoS ONE* **8**: e60015 DOI: 10.1371/journal.pone.006001.
- Ye S, Dhillon S, Ke X, Collins AR, Day IN. 2001. An efficient procedure for genotyping single nucleotide polymorphisms. *Nucleic Acids Research* **29**:e88. DOI:10.1093/nar/29.17.e88

9 Seznam použitých zkratek a symbolů

FAO = Organizace Spojených národů pro výživu a zemědělství (Food and Agriculture Organization)

DAD-IS = Informační systém o domácí živočišné rozmanitosti (Domestic Animal Diversity Information System)

ČMB = českomoravský belgický kůň

N = český norik

SN = slezský norik

GZ = genové zdroje

MZe = Ministerstvo zemědělství České republiky

ASCHK = Asociace svazu chovatelů koní

SCHCMBK = Svaz chovatelů českomoravského belgického koně

SNP = Jednonukleotidový polymorfismus

INDEL = vožení/delece (Insertion-Deletion)

SSR = Jednoduché sekvenční repetice (Simple Sequence Repeats)

DNA = Deoxyribonukleová kyselina

CNVs = Variace v počtu kopií (Copy Number Variations)

ISAG = Mezinárodní společnost pro genetiku zvířat (International Society for Animal Genetics)

PCR = Polymerázová řetězová reakce

mtDNA = Mitochondriální DNA

KVH = kohoutková výška hůlková

KVP = kohoutková výška pásková

OH = obvod hrudníku

Ohol = obvod holeně

GWAS = Studie asociace celého genomu (Genome-Wide Association Study)

HPK = Hlavní plemenná kniha

PK = Plemenná kniha

QTL = Lokusy kvantitativních znaků (Quantitative Trait Loci)

10 Samostatné přílohy

10.1 Uzané rodiny chovných klisen v populaci ČMB

Označení rodiny	Zakladatelka rodiny						
		Číslo a jméno klisny	Nar.	Plem.	Otec	Plem.	Otec matky
							Plem.
1. ČMB-R-A 01	VČ 592 Aida	0	chč.B	383 Adres	chč.B	530 Mountain 128/29	Bel.
2. ČMB-R-A 02	JM 1640 Alena	1968	chm.B	2872 Brašan	chm.B	2289 Míran	
3. ČMB-R-A 03	JM 427 Arka	1957	chm.B	2285 Dalibor	chm.B	2374 Miroš skalský-2	Bel.
4. ČMB-R-B 01	12-653 Bara KPKK	1947	chm.B	97 Bard	chm.B	251 Terno	chlm
5. ČMB-R-B 02	246 Brica	1958	chč.B	1146 Brk - 2	chč.B	2292 Marodar	chm.B
6. ČMB-R-B 03	VČ 917 Brita	0	chč.B	1047 Brk	chč.B	2261 Miroš skalský-6	Bel.
7. ČMB-R-B 04	VČ 918 Broňa	0	chč.B	1047 Brk	chč.B	2295 Matsuk	chm.B
8. ČMB-R-C 01	2-725 Cilka	0	chč.B	179 Traiteur z Domažlic	chč.B	210 Beziers z Kouta	chč.B
9. ČMB-R-C 02	95 Citadela	1950	chč.B	1125 Agripa	chč.B	143 Eton	chm.B
10. ČMB-R-D 01	147 Damita	1956	chm.B	2279 Daněk	chm.B	2261 Miroš skalský-6	Bel.
11. ČMB-R-D 02	Dana 10 - 1958	1950	chm.B	2356 Markom	chm.B	144 Dolar	
12. ČMB-R-D 03	SM 509 Dana	0	chm.B	225 Daniel	chm.B	11 Dolfek	chm.B
13. ČMB-R-D 04	1 Drahoslava	1921	chč.B	Tambour de Hemel	53124	Bel.	
14. ČMB-R-D 05	Drakula	1959	chm.B	2333 Naďan	chm.B	331 Bajer	chm.B
15. ČMB-R-CH 01	55 Chyňava	1956	chč.B	1244 Agregát	chč.B	148 Burnus	chč.B
16. ČMB-R-J 01	4-398 Jana	0	chč.B	1010 Bundáš	chč.B	136 Branibor z Rož.	Chč.B
17. ČMB-R-J 02	VČ 86 Jesita	0	chm.B	881 Komoň	chm.B	3 Dandy	chč.B
18. ČMB-R-K 01	Kity	0	chč.B	1772 Bridl	chč.B	2368 Markonín	chm.B
19. ČMB-R-K 02	VČ 1013 Květa	0	chm.B	2250 Mat	chm.B	416 Markoň	chm.B
20. ČMB-R-K 03	JM 404 Květuše	1957					
21. ČMB-R-L 01	ZČ 558 Lama	1968	chč.B	1772 Bridl	chč.B	1084 Kamzík	chč.B
22. ČMB-R-L 02	Lenka 12 - 3125	1955	chm.B	2249 Baník	chm.B	212 Bar	chm.B
23. ČMB-R-L 03	JM 1183 Lída	1960	chm.B	225 Daniel	chm.B	387 Marokánec	
24. ČMB-R-L 04	VČ 601 Lída	1958	chč.B	383 Adres	chč.B	Baron s.v.	chm.B
25. ČMB-R-M 01	Manča 10-2686	1949	chm.B	268 Makao	chm.B	114 Hostýn	
26. ČMB-R-M 02	82 Marecha	1948	chm.B	288 Markýz lechotický	chm.B	145 Pikvík	
27. ČMB-R-M 03	Marica 12 - 2933	1954	chm.B	2413 Madroš	chm.B	2279 Daněk	

28. ČMB-R-M 04 chm.B	JM 346 Maruna	1954 chm.B 2261 Miroš skalský - 6 Bel. 2348 Suknan
29. ČMB-R-M 05 chm.B	JM 988 Maruška	1963 chm.B 2351 Mahoš chm.B 2335 Marconi skal.-7
30. ČMB-R-M 06 chm.B	123 Matrona	1950 chm.B 2295 Matsuk chm.B 289 Roncek
31. ČMB-R-M 07 chm.B	JM 364 Míla	1960 chm.B 2300 Marconi skalský - 1 chm.B 338 Dolf
32. ČMB-R-M 08 chm.B	JM 424 Míla	1956 chm.B 2223 Karlák chm.B 401 Badatel
33. ČMB-R-M 09	Milka 12-2834	1952 chm.B 221 Balt chm.B 234 Mauroš chm.B
34. ČMB-R-M 10 chm.B	JM 429 Miluše	1956 chm.B 2357 Marconi skalský - 12 chm.B 166 Kong
35. ČMB-R-M 11 chm.B	JM 1606 Miluše	1966 chč.B 1047 Brk chč.B 2333 Naďan
36. ČMB-R-M 12 chm.B	JM 469 Minda	1958 chm.B 2598 Marconi skalský - 18 chm.B 332 Žanek
37. ČMB-R-M 13 chm.B	9-3055 Minka	1953 chm.B 2220 Bardon chm.B 2005 Markoman
38. ČMB-R-M 14 chm.B	Minka	0 chm.B 2794 Barnov skalský-3 chm.B 2335 Marconi skal.-7

39. ČMB-R-S 01 chm.B	SM 1343 Soňa	1967 chm.B 2894 Agripa skalský - 14 chm.B 2225 Daniel
40. ČMB-R-S 02 chm.B	JM 1183 Svitka (Míla)	1960 chm.B 2225 Daniel chm.B 2387 Markomanec
41. ČMB-R-S 03 chm.B	6-517 Šárka KPKK	1956 chm.B 2244 Sudan chm.B 215 Tur

42. ČMB-R-Z 01 chm.B	VČ 382 Zorka	0 chč.B 2896 Agripa skalský-18 chm.B 2234 Maršan
-------------------------	--------------	--

Celkem 42 klisen - zakladatelek rodin v aktuální populaci ČMB - r. 2003

Legenda :

Nar. - rok narození klisen- zakladatelek rodin

Plem. - plemenná příslušnost

chm.B - "plemeno" chladnokrevník moravského chovu s belgickým genotypem, odpovídajícím podmínce, že nejméně otec a otec

matky je chm.B, chč.B nebo B.

chč.B - "plemeno" chladnokrevník českého chovu s belgickým genotypem, odpovídajícím podmínce, že nejméně otec a otec matky

je chm.B, chč.B nebo B.

B. - čistokrevný importovaný belgik nebo čistokrevný belgik narozený v ČR ze stejnosměrné plemenitby.