

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH

Zemědělská fakulta

Studijní program: B4131 Zemědělství

Studijní obor: Agroekologie

Zadávací katedra: Katedra zootechnických věd

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

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE

Genetická diverzita prasat

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

Autor: Jan Bárta, DiS.

České Budějovice, listopad 2014

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem svoji bakalářskou práci na téma „Genetická diverzita prasat“ vypracoval samostatně pouze s použitím literatury, která je uvedena v seznamu použité literatury.

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

Poděkování

Mé poděkování patří panu prof. Ing. Jindřichu Čítkovi, CSc. za odborné vedení, trpělivost a ochotu, kterou mi v průběhu psaní bakalářské práce věnoval.

Abstrakt

Cílem této bakalářské práce je, popsat současný stav z hlediska genetické diverzity prasat, hodnocení genetické diverzity a současný stav ochrany genových zdrojů v ČR. Nejprve je popsán význam chovu prasat, jejich domestikace a plemena prasat nejčastěji chovaná v ČR. Dále pak biodiverzita a její dělení, genetická diverzita a metody jejího zjišťování. Poslední kapitolou jsou pak genové zdroje.

Klíčová slova: genetická diverzita, domestikace prasat, plemena prasat, biodiverzita, genové zdroje

Abstract

The object of this thesis is to describe genetic diversity of pigs, evaluation of genetic diversity and description of current state of genetic resources preservation. Firstly is described importance of pig-breeding, domestication of pigs and breeds of pig mostly kept in the Czech Republic. Further is described biodiversity and dividing of biodiversity, genetic diversity and research methods of genetic diversity. Last chapter is about genetic resources.

Key words: genetic diversity, domestication of pigs, breeds of pig, biodiversity, genetic resources

OBSAH

1. Úvod.....	8
2. Literární rešerše.....	9
2.1 Význam chovu prasat.....	9
2.2 Domestikace prasat	10
2.3 Prase divoké evropské (<i>sus scrofa ferrus</i>)	11
2.4 Prase divoké páskované – asijské (<i>Sus scrofa vitattus</i>)	12
2.5 Prase divoké středozevní (<i>Sus scrofa mediterraneus</i>)	13
2.6 Zařazení prasete domácího.....	13
2.7 Genom prasete.....	14
2.8 Plemena prasat chovaná v ČR.....	15
2.8.1 Česká landrase (ČL).....	16
2.8.2 Belgická landrase (BL)	16
2.8.3 České bílé ušlechtilé (ČBU).....	17
2.8.4 Bílé otcovské (BO).....	17
2.8.5 České výrazně masné (ČVM)	17
2.8.6 Pietrain (Pn)	18
2.8.7 Hampshire (H).....	18
2.8.8 Duroc (D)	19
2.9 Biologická diverzita	19
2.9.1 Druhová diverzita.....	20
2.9.1.1 Měření druhové diverzity.....	21
2.9.2 Diverzita ekosystémů	23
2.9.3 Genetická diverzita.....	23
2.9.3.1 Důvody k ochraně diverzity	25
2.9.3.2 Význam ochrany genetické diverzity z chovatelského hlediska.....	25
2.9.3.3 Ochrana diverzity	26

2.9.3.4 Hlavní zdroje genetické variability v populaci	27
2.10 Metody hodnocení genetické diverzity	28
2.10.1 Heterozygotnost	28
2.10.2 Polymorfismus	30
2.10.3 Genetické markery	32
2.11 Genetické zdroje.....	34
2.11.1 Živočišné genetické zdroje.....	35
2.11.2 Národní program na ochranu genetické diverzity.....	36
2.12 Přeštické černostrakaté prase – Genetický zdroj.....	38
2.12.1 Vznik přeštického černostrakatého plemene.....	38
2.12.2 Charakteristika plemene.....	39
2.12.3 Způsoby uchování přeštického černostrakatého plemene.....	40
3. Závěr	43
4. Seznam použité literatury.....	44
5. Přílohy.....	53

1. Úvod

Když poprvé člověk začal s domestikací zvířete, změnil neodmyslitelně další vývoj lidstva. Od té doby jsou hospodářská zvířata součástí každodenního života ať už bezprostředně, nebo vzdáleněji každého z nás. Jedním z těchto zvířat je i prase domácí, které se nejen v České republice, ale i v celém světě řadí mezi nejpočetnější hospodářská zvířata. Abychom pochopili a zjistili něco ze své historie, je nám důležitým nástrojem obor zvaný genetika. Při určování genomu prasete a jeho genetické diverzity, můžeme nejen alespoň částečně zjistit původ našich nynějších plemen prasat a jejich postupný vývoj, ale také můžeme využít tyto informace při šlechtění a při snaze dosahování lepší zdravotní kondice a užitkových znaků těchto zvířat.

Nejen z těchto důvodů je naší povinností ochraňovat a uchovávat genetickou diverzitu například pomocí genových rezerv, které jsou národním dědictvím představujícím genetický materiál (v našem případě živočišného původu), který může být nyní nebo v budoucnu využíván například na oživení krve stávajících plemen. V České republice je pouze jedno plemeno prasete zařazené do Národního programu jako genetický zdroj a tím je přeštické černostrakaté prase.

2. Literární řešerše

2.1 Význam chovu prasat

Zabezpečení racionální výživy lidí předpokládá produkci potřebného množství živočišné bílkoviny. Zdrojem této nenahraditelné a pro život člověka nezbytné látky je zejména živočišná výroba, v níž chov prasat z hlediska zabezpečování nutriční proteinové bilance má nejenom u nás, ale prakticky na celém světě nezastupitelné postavení.

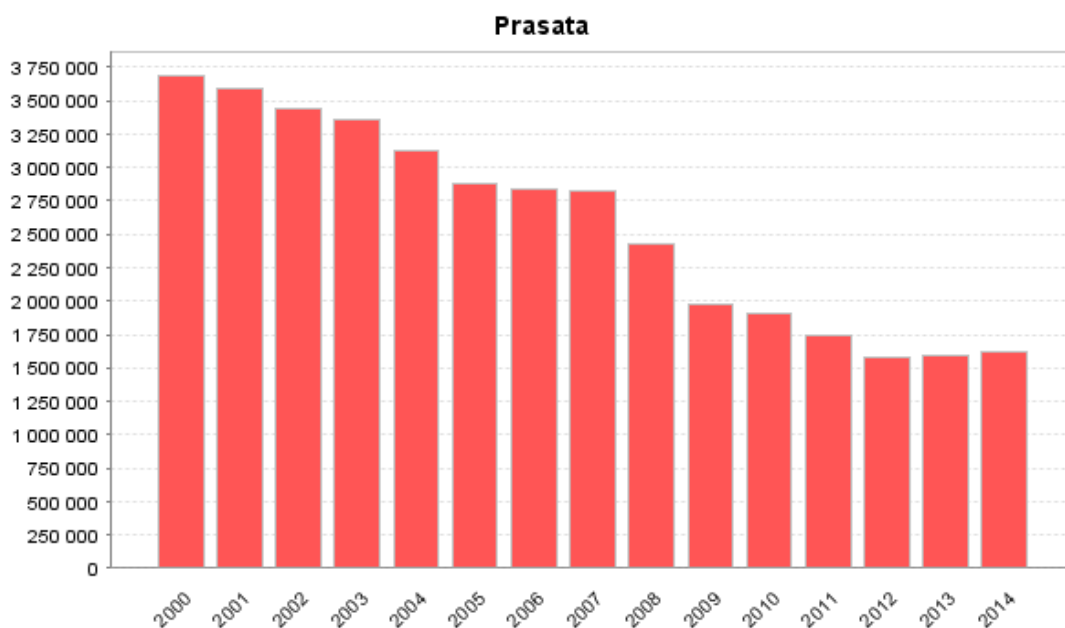
V chovu hospodářských zvířat, respektive v živočišné výrobě, se jeví jako nejvíce rentabilní chov zvířat vyznačující se multiparitou (pozn. multiparní = vícerodá zvířata), krátkým generačním intervalem a četností, což splňuje chov prasat. Produkce vepřového masa se podílí největším objemem na celosvětové produkci masa, a to cca 40% (*Stupka, et al., 2009*).

V České republice se v roce 2012 vyrobilo celkem 305,7 tisíce tun masa (bez drůbežího masa) v jatečné hmotnosti. Tento objem byl proti roku předchozímu nižší o 29,6 tisíce tun. Na propadu se podílí všechny kraje kromě krajů Karlovarského, Královéhradeckého a Jihočeského (*Český statistický úřad*). Pokles celkových stavů prasat i stavů prasnic v posledních letech, který nastal v důsledku zvýšení dovozu vepřového masa do ČR, se zatím nestabilizoval (*Stupka, et al., 2009*).

Z přehledů vydávaných Evropskou unií je zřejmé, že v zemích Evropy spotřeba vepřového masa na 1 obyvatele a rok dosahuje v průměru kolem 40 kg, což podává důkaz o veliké oblibě tohoto masa.

Ve vztahu k dosahované užitkovosti patří prasata mezi nejvýkonnější hospodářská zvířata. Je to dáno zejména vysokou schopností syntézy proteinů a tukových rezerv v těle, což se projevuje značnou intenzitou růstu. Dále se u prasat projevuje vysoká účinnost retence živin na pokrytí záchovné a produkční potřeby, důsledkem čehož je dosahována velice dobrá konverze živin. K dalším příznivým vlastnostem patří ranost, výborná plodnost, mléčnost, krátké období březosti a příznivá jatečná výtěžnost. V posledních letech dochází k výraznému zlepšení ukazatelů jatečné hodnoty. Tento trend se promítá ve zvýšení podílu libového masa na jatečně upravených tělech prasat (*Stupka, et al., 2009*).

Graf č. 1: Stav praset mezi roky 2000/2014 (Ks)



(Zdroj: Český statistický úřad)

2.2 Domestikace prasat

Domestikaci můžeme popsat jako proces, při kterém si populace určitých zvířat zvyká na člověka a na život v zajetí vlivem genetických změn, objevujících se znovu napříč generacemi a vývojem v důsledku působení životního prostředí. (Rothschild, Ruvinsky, 2011).

Rothschild a Ruvinsky (2011) uvádějí, že jsou nyní dva hlavní pohledy na to, kdy a kde probíhaly počátky domestikace prasat. První možností je, že prase bylo postupně domestikováno z divokého prasete v období neolitu cca 9000 let před naším letopočtem, a že domestikace probíhala v několika geograficky izolovaných lokalitách zejména na blízkém Východě a v Číně (Burgos-Paz, et al., 2013) a potomci těchto ranně domestikovaných jedinců byli později rozptýleny do zbytku světa s šířením prvních zemědělců. Druhou variantou je, že domestikace probíhala nezávisle na sobě ještě v několika dalších geografických regionech, kromě Číny a blízkého Východu i například v neolitické Evropě a v Japonsku. Na obrázku č. 1 (viz přílohy) je vyobrazeno devět možných center domestikace prasete (Rothschild, Ruvinsky, 2011). Přestože k první domestikaci došlo již před 9000 lety, je prase domácí stále schopné hybridizace s divokým prasetem (Goedbloed, Megens, et al., 2013).

Domestikace zvířat je často spojována s přechodem našich předků k usedlému způsobu života a rozvoji zemědělství. Vztah lidí a prasat však existoval

již dávno předtím, kdy byla prasata lovena pro maso, kůži a kly, ze kterých pak tvořili nástroje. Divoká prasata se pak také často objevují ve starých pověstech a legendách. Lov zvěře byl časově náročný, a proto se postupně lidé začínali uchýlovat k domestikaci a chovu zvířat (Beranová, Kubačák, 2010). Prapředkem domácích prasat (*Sus scrofa f. domestica*) je prase divoké evropské, prase divoké páskované a prase divoké středozemní (Giuffra, et al. 2000).

Od počátku domestikace se prasata vyvíjela díky přírodní (tlak životního prostředí) a umělé (lidská civilizace) selekci a to přispělo k utváření a stabilizaci odlišných plemen prasat, které se projevují různým fenotypem a dalšími rysy jako je kvalita masa, ranost, atd. Například čínská původní plemena jsou známá pro jejich menší přírůstky, malou schopnost konverze krmiva, ale pro vysokou ranost a kvalitu masa. Naopak západní plemena jako je například bílé ušlechtilé, duroc, landrase a pietrain mají větší objem svalové hmoty, vyšší přírůstky s vynikající konverzí krmiv, ale nižší kvalitu masa (Ai Huashui, et al., 2013).

Na vzniku kulturních plemen se podíleli především tři druhy prasat:

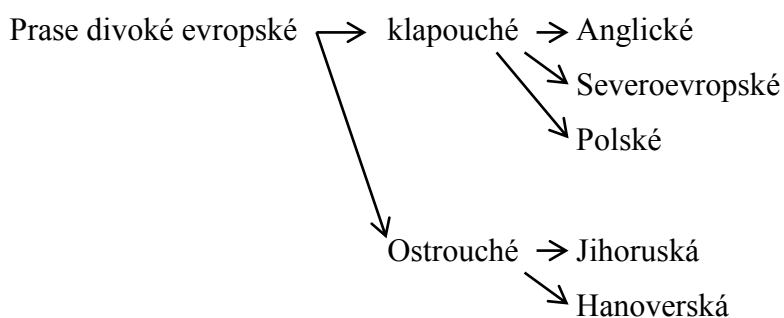
- a) Prase divoké evropské (*Sus scrofa ferrus*)
- b) Prase divoké páskované – asijské (*Sus scrofa vitattus*)
- c) Prase divoké středozemní – maloasijské (*Sus scrofa mediterraneus*)

2.3 Prase divoké evropské (*sus scrofa ferrus*)

Původním životním prostředím prasete divokého byly nížinné, prosvětlené, teplé listnaté lesy, především dubové a lužní s porosty vodních rostlin, zejména rákosu. Postupně se dobře přizpůsobila i smíšeným lesům jehličnato-listnatým a i lesům jehličnatým, zejména pokud je v nich alespoň minimální zastoupení plodících listnáčů, popřípadě bylinného podrostu anebo je z nich dobrý přístup do polí. V lese však potřebují divoká prasata i zastoupení hustých mlazin, kde přes den zaléhá a nachází zde klid a úkryt před nepřízní počasí. V zimě vyhledává jehličnaté houštiny, které je chrání před ledovými větry a i po napadnutí sněhu je v nich teplo. Na polích pokud to jsou rozsáhlé lány s vysokými a hustými porosty, potravně atraktivních plodin (kukuřice, obiloviny, směsky) se zde prase v době jejich dozrávání zdržuje až do jejich sklizně neboť zde získává vydatnou potravu a dobrý kryt (Havránek, 2000).

Prase divoké má protáhlou hlavu klínovitého tvaru, zakončenou ryjem, a dozadu se snižujícím hřbetem, zakončeným ocasem. Hmotnost je rozdílná a závisí na konstituci zvěře a na množství dostupné potravy. V dospělosti se hmotnost pohybuje

mezi 100 – 300 kg a délka těla je okolo 180 – 190 cm. Celkové zbarvení je v letním období šedohnědé a v zimě tmavě šedé až černé. Kompletní chrup se vyskytuje u prasete teprve ve stáří tří let. Zubní vzorec je 3.1.4.3./3.1.4.3 a liší se od prasete domácího zejména mohutnými špičáky, které nemají ukončený růst (Hanzal, 2008). Říje probíhá od listopadu do ledna, bachyně však může být oplozena i v jinou dobu. Březost trvá 16 – 17 týdnů a bachyně vrhá cca 4 – 10 selat, která jsou do podzimu podélně světle rezavě pruhovaná (Hromas, et al., 2008).



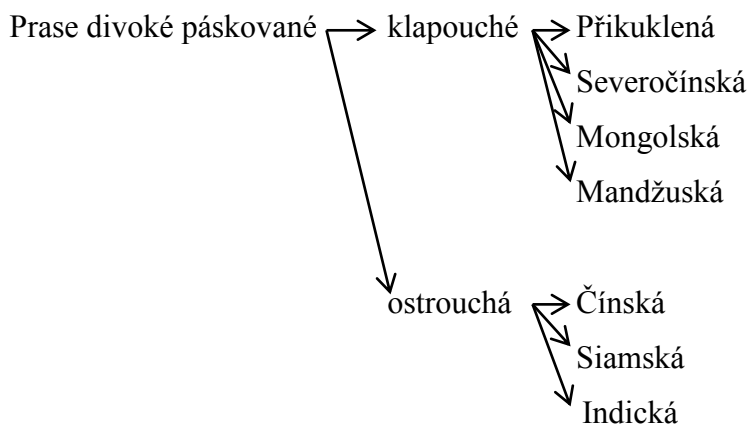
(Zdroj: www.eamos.cz)

2.4 Prase divoké páskované – asijské (*Sus scrofa vittatus*)

Vyskytuje se zejména ve střední a východní Asii (Fylogenie prasete), na ostrovech Sumatře a Jávě. Způsob života je podobný jako u prasete evropského, má však menší tělesný rámec.

Vyznačuje se převážně černou barvou s pruhem bílých štětín po stranách hlavy a na tvářích. Délka těla se pohybuje mezi 120 – 140 cm a hmotnost 100 – 150 kg. Hlava je v profilu prohnutá a poměrně kratší, širší i vyšší. Slzní kost čtvercová. Trup je spíše válcovitý, hlubší s dobrým osvalením (Plemena prasat).

Od tohoto prasete jsou odvozena zejména nynější plemena prasat čínských a indických (Hajič, Košvanec, 1995).

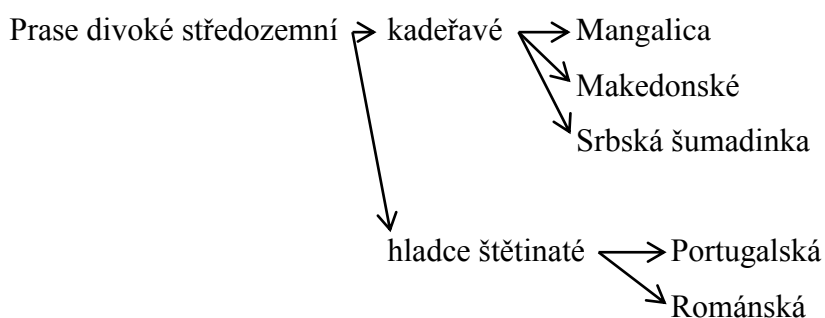


(Zdroj: www.eamos.cz)

2.5 Prase divoké střeozemní (*Sus scrofa mediterraneus*)

Toto prase je přechodná forma, která vznikla v dávných dobách křížením domácích evropských prasat s prasaty asijskými, po nichž má tento druh čtvercovou slzní kost a válcovitý trup. Nasvědčuje tomu fakt jejich výskytu, tedy v oblastech, ve kterých se již v dávnověku střetávala evropská a asijská civilizace, kultura, obchod, tedy území bývalého římského impéria (*Plemena prasat*).

Od tohoto prasete jsou odvozena zejména původní jihoevropská kadeřavá plemena, jako je například mangalica a bagon (*Hajič, Košvanec, 1995*).



(Zdroj: www.eamos.cz)

2.6 Zařazení prasete domácího

Říše:	živočichové	(<i>Animalia</i>)
Kmen:	strunatci	(<i>Chordata</i>)
Třída:	savci	(<i>Mammalia</i>)
Řád:	sudokopytníci	(<i>Artiodactyla</i>)
Podřád:	nepřežvýkaví	(<i>Nonruminantia</i>)
Čeleď:	prasatovití	(<i>Suidae</i>)
Podčeleď:	pravá prasata	(<i>Suinae</i>)
Rod:	prase	(<i>Sus</i>)

Biologické zvláštnosti staví prase do popředí mezi velkými hospodářskými zvířaty z hlediska posuzování vhodnosti pro produkci masa. Jsou to především mnohorodost, ranost, krátká doba březosti, nízká spotřeba krmiva na jednotku produkce, vysoká výtěžnost, dobré chuťové a výživné vlastnosti masa, schopnost konzumovat odpady potravinářského průmyslu a odpady z kuchyní. Prase

konzumuje prakticky všechna krmiva, která se vyrábějí pro krmení hospodářských zvířat (*Hájek, et al., 1992*).

2.7 Genom prasete

Genom je základní sada instrukcí, kterou používají buňky k tomu, aby se udržely naživu. Závisejí na ní skutečně všechny aktivity buňky. Poznat DNA proto znamená poznat buňku a v širším smyslu také organismus, k němuž buňka náleží (*Snustad, Simmons, 2009*).

Šlechtitelé, chovatelé, ošetřovatelé a všichni další, kteří pracují v zemědělství se zvířaty, se prakticky stále setkávají s hodnocením fenotypových znaků. V poslední se čím dál častěji dostává do povědomí i genom a genotyp zvířat. Lidský genom je zmapován lépe než zvířecí a postupně se zjistilo, že určité úseky chromozomů a v nich lokalizované geny jsou u člověka a prasete shodné. Proto se při odhalování kandidátních genů u prasete, jejich lokalizace i polymorfizmu často vychází z bohatších poznatků získaných u člověka. Tento postup se označuje jako komparativní mapování (*Dvořák, Vrtková, 2001*).

Odhadovaná velikost genomu prasat je 2,7 bilionů párů bází (*Fadista, et al., 2008*). Všechna plemena prasat mají v jádře každé somatické buňky 38 chromozomů, 36 z nich je možné podle velikosti, polohy centromer a mnoha dalších kritérií rozřadit do 18 párů. Zbývající dva jsou pohlavní chromozomy – XX má prasnice, XY má kanec. Každé sele získá 19 chromozomů od prasnice a 19 chromozomů od kance (*Dvořák, Vrtková, 2001*).

Každý chromozom obsahuje jednu molekulu DNA, úsek molekuly DNA je gen. V párových chromozomech je na stejném místě stejný gen – genetická informace pro stejný druh proteinu – stejného znaku. Jinak řečeno sele dostalo od prasnice i od kance v určitém úseku DNA informaci pro stejný znak – například zbarvení. Má ji tedy ve dvou variantách, které mohou být naprosto shodné nebo se mírně lišit. Proto se pro jednu variantu genu užívá termín alela (*Dvořák, Vrtková, 2001*).

S použitím názvu alela, pak například u prasnice, která má v genu zbarvení dvě alely, předá seleti pouze jednu alelu. Kanec také předá seleti jednu alelu.

Potom dvě alely jednoho genu u zárodka, u selete, prasničky, prasnice nebo kance v kterékoliv jejich tělesné buňce (kam patří i leukocyty krve, buňky v chlupové cibulce atd.) vytváří genotyp, v našem případě genotyp zbarvení.

Všechny plemena prasat mají stejné geny, liší se pouze alelami těchto genů (Dvořák, Vrtková, 2001).

2.8 Plemena prasat chovaná v ČR

Do poloviny 19. Století převládalo u nás původní klapouché prase – staročeský štetináč. Primitivní domácí plemena nesplňovala požadavky na zásobování průmyslových center zemědělskými, zejména živočišnými výrobky, proto se začala dovážet raná sádelná prasata z Německa a Anglie, především střední a velké bílé anglické, berkshire a suffolk. Na základě křížení vznikly na začátku dvacátého století krajové rázy jako prase přeštické, rychnovské či moravský yorkshire (Pulkrábek, 2005).

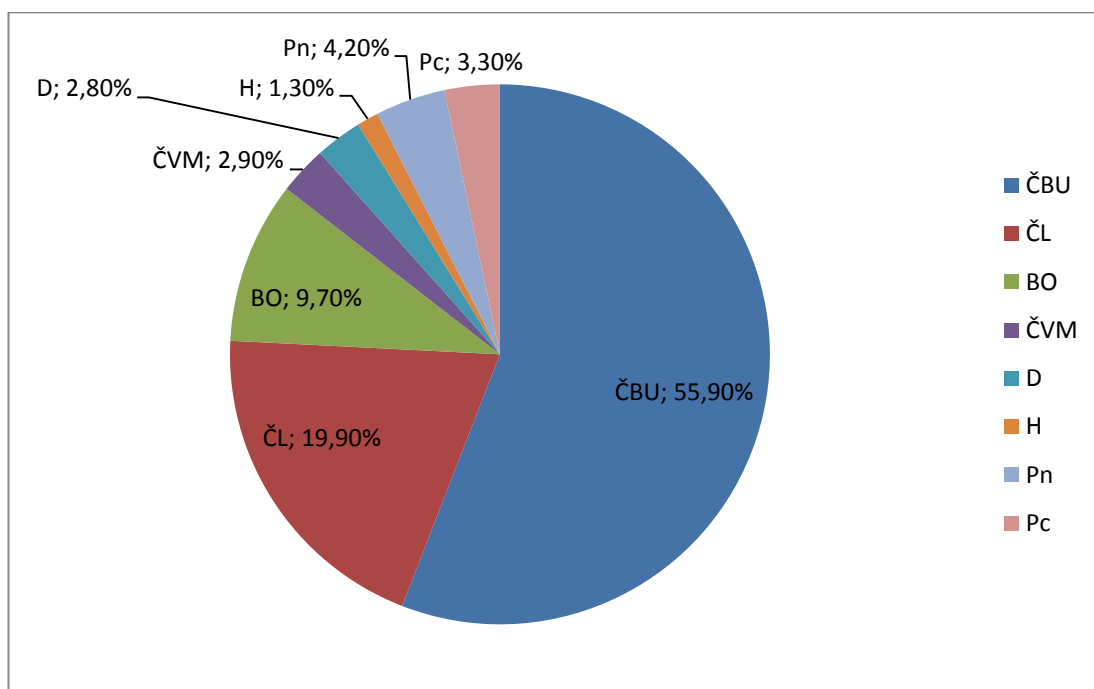
Do 1. Světové války neexistovalo vlastní samostatné plemeno. V roce 1927 se začalo s tvorbou plemene bílé ušlechtilé na podkladě převodného křížení s německým ušlechtilým plemenem (Pulkrábek, 2005).

K velkému rozvoji chovu prasat dochází od 2. poloviny 20. století, kdy nárůst počtu obyvatel vedl ke zvýšeným požadavkům na produkci masa a tudíž i k rozvoji velkokapacitních zařízení pro chov prasat, kde je možno chovat co největší množství zvířat s vysokou efektivitou a s co nejmenšími náklady. První velkokapacitní zařízení se objevovala v USA, odkud se postupně dostávala do evropských zemí (Muzikářová, 2011).

S rozvojem velkochovů se postupně do Čech začali importovat k užitkovému křížení plemena berkshire, cornwall a sedlové prase z Německa, z Ruska stepní bílé ukrajinské, mirgorodské, livenské a velké bílé z Anglie. Od 60. let se vedle kvantity začala zdůrazňovat kvalitativní stránka, a proto se uskutečnily dovozy plemena landrase, pietrain od 70. let pak duroc a Hampshire z USA za účelem jejich uplatnění jako otcovských plemen v hybridizačním programu.

Nyní je v České republice aktivně šlechtěno a používáno sedm plemen prasat a to plemena české bílé ušlechtilé, česká landrase, duroc, Hampshire, bílé otcovské, české výrazně masné, pietrain a v genetických zdrojích plemeno přeštické černostrakaté (Pulkrábek, 2005).

Graf č. 2: Struktura populace prasat v ČR (2005)



(Zdroj: Pulkrábek, 2005)

2.8.1 Česká landrase (ČL)

Plemeno vzniklo na bázi dovozu zvířat plemene landrase z Polska, Kanady, Německa a Švédska. Tato plemena byla importována začátkem 60. let 20. století a využívala se především k užitkovému křížení. Pro zlepšení masné užitkovosti se v menší míře využilo křížení s bílým ušlechtilým plemenem. V současné době v ČR chová v 7 nukleových chovech a 14 rezervních šlechtitelských chovech v celkovém počtu asi 14 000 ks. Prasata plemene česká landrase se vyznačují velmi dobrými reprodukčními vlastnostmi, vysokou růstovou intenzitou při velmi dobré konverzi živin a velmi dobrou masnou užitkovostí (Sambraus, 2006). Obr. č. 2 – viz příloha

2.8.2 Belgická landrase (BL)

Plemeno vzniklo sjednocením standardů a konsolidací belgických bílých zušlechtěných prasat. Bylo uznáno v Belgii na podkladě křížení původních klapouchých domácích prasat s německým prasetem zušlechtěným a plemeny dánská landrase a pietrain (Stupka, et al., 2009).

Plemeno se vyznačuje dobrou výkrmností a velmi dobrou masnou užitkovostí. Má příznivý poměr masa a tuku a dobře osvalené, plné široké kýty. Belgická landrase je vhodná v otcovské pozici pro užitkové křížení a pro hybridizační programy (Sambraus, 2006). Obr. Č. 3 – viz příloha

2.8.3 České bílé ušlechtilé (ČBU)

Plemeno vzniklo z původního klapouchého prasete křížením s dovezenými plemeny z Anglie a Německa. Roku 1927 byla zahájena tvorba bílého ušlechtilého plemene převodným křížením s německým ušlechtilým plemenem, využívalo se též velké bílé anglické plemeno. Již v meziválečném období se přešlo k čistokrevné plemenitbě, kontrole užitekosti, k výběru a licencaci kanců. V 70. až 90. letech 20. století bylo plemeno zapojeno do hybridizačního programu (*Sambraus, 2006*).

V hybridizačním programu je zařazeno do výchozí pozice A jako mateřské plemeno. Snahou selekce je zvýšit podíl masných partií, ale nikoli extrémně, při zachování výborné kvality masa a pevné konstituce.

Úroveň genofondu podmiňující vývin reprodukčních i produkčních vlastností u tohoto plemene je vysoká a realizuje se vynikající plodností a mléčností, nadprůměrnou výkrmností a průměrnou jateční hodnotou (*Špaček, 1987*).

Obr. č. 4 – viz příloha

2.8.4 Bílé otcovské (BO)

Bílé otcovské se uplatňuje v různých hybridizačních programech od 80. let minulého století. Výrazný vzestup jeho užití je v ČR možné datovat od počátku tohoto tisíciletí. Plemeno vzniklo šlechtěním nepříbuzných linií plemene large white, jejichž vysoká četnost umožnila uvnitř tohoto plemene oddělenou selekci na znaky preferující jak mateřské, tak i otcovské vlastnosti. Uplatňuje se v pozici C v hybridizačních programech a to jako čistokrevné, tak i při tvorbě hybridních kanců (*Stupka, et. al., 2009*).

V České republice se v současnosti chová ve 4 nukleových chovech a 12 rezervních šlechtitelských chovech.

Vyznačuje se velmi dobrou růstovou schopností s výbornou konverzí živin (*Sambraus, 2006*). *Obr. č. 5 – viz příloha*

2.8.5 České výrazně masné (ČVM)

Plemeno vzniklo v České republice a na jeho vzniku se podílela plemena: v počáteční fázi belgická landrase, duroc a hampshire, později pietrain. Dalším postupem bylo uzavření linie a šlechtění s využitím příbuzenské plemenitby. Populace byla uznána jako plemeno výrazně masné v roce 1991 (*Sambraus, 2006*).

Plemeno české výrazně masné se u nás hojně využívalo jako plemeno v pozici C. Po zavedení hodnocení masa stupnicí SEUROP dochází k jeho ústupu z důvodu značné variability užitkových vlastností a menší četností populace, takže v současné době je jeho využití minimální (*Stupka, et. al., 2009*).

Obr. č. 6 – viz příloha

2.8.6 Pietrain (Pn)

Šedobílé plemeno s nepravidelnými černými a červenavě žlutými skvrnami a je středního tělesného rámce. Toto plemeno bylo uznáno v roce 1956 v Belgii (*Pulkrábek, 2005*).

Vyznačuje se vynikající zmasilostí, má dobře vyvinuté kýty avšak je velmi citlivé ke stresu. Denní přírůstky jsou okolo 700g a porážková hmotnost 90 – 95 kg bývá dosažena okolo 180 dnů (*Sambraus, 2006*).

Toto plemeno se hojně využívá ve všech hybridizačních programech v pozici otců finálních hybridů či k tvorbě hybridních kanců. Jde o typicky otcovské plemeno na jedné straně s nižší plodností, nízkou růstovou schopností, na druhé s vynikající jatečnou hodnotou (*Stupka, et al., 2009*). *Obr. č. 7 – viz příloha*

2.8.7 Hampshire (H)

Plemeno Hampshire vzniklo z anglického sedlového prasete v 90. letech předminulého století. V té době vzniklo i jeho chovatelské sdružení. Koncem 19. století je exportováno do Ameriky, kde se stává jedním z nejoblíbenějších barevných plemen (*Stupka, et al., 2009*).

V České republice je toto plemeno využíváno jako otcovské. Vyznačuje se středním až větším tělesným rámcem, pevnou konstitucí, pevnou tělesnou stavbou a přiměřeně silnou kostrou. Hlava je lehčí, ucho vzpřímené. Typickým znakem je sytě černé zbarvení s bílým sedlem, které pokrývá krajinu plecí a obě hrudní končetiny. Kvalita masa je dobrá a je požadována dobrá intenzita růstu při přijatelné konverzi živin (*Pulkrábek, 2005*). *Obr. č. 8 – viz příloha*

2.8.8 Duroc (D)

Plemeno vzniklo v USA. Pravděpodobně se na jeho vzniku podílela červená prasata importovaná do Iowy z Guineje, dále pak prasata dovezená do USA španělskými obyvateli a červené španělské prase dovezené do Kentucky roku 1837. Plemenný standard existuje od roku 1885 (*Sambraus, 2006*).

Vyznačuje se středním až velkým tělesným rámcem, velmi dobrou pevnou konstitucí, kompaktní tělesnou stavbou, přiměřeně mohutnou a pevnou kostrou (*Pulkrábek 2005*). Barva se vyskytuje od žluté po tmavě hnědou. Nejčastější je rezavé zbarvení. Vyskytuje se i kadeřavost štětin (*Stupka, et. al., 2009*).

V České republice se používá jako otcovské plemeno dobře odolné stresu. Využívá se zejména v hybridizačních programech (*Pulkrábek, 2005*).

Obr. č. 9 – viz příloha

2.9 Biologická diverzita

Biologickou diverzitou můžeme rozumět rozmanitost všech živých organismů na Zemi, která pochází ze všech zdrojů včetně suchozemských, mořských a jiných vodních ekosystémů a jejich ekologických komplexů, jejichž jsou součástí. (*The Convention*).

Biodiverzitu v užším slova smyslu představuje absolutní nebo relativní četnost jednotlivých druhů organismů a jejich různorodost. Biodiverzita jako taková není pouhým vyjádřením součtu počtu druhů organismů na Zemi, ale je i variabilitou mezi nimi, tedy druhovou variabilitou. Jako výlučná vlastnost života na Zemi je tedy výsledkem evolučních procesů, které směřovaly k trvalému zvyšování diverzity, přičemž některé druhy nepřizpůsobující se měnícím se přírodním podmínkám vymíraly a nové vznikaly (*Řehout, et al., 2005*).

Pozemská diverzita narůstala od prvopočátku života na Zemi. Tento nárůst nebyl rovnoměrný, spíše ho charakterizuje střídání období intenzivní speciace (*Primack, 2001*), což je evoluční proces vzniku nových přírodních druhů, které jsou lépe přizpůsobeny k novým měnícím se podmínkám prostředí (*Jarklová, Pelikán, 1999*), relativního speciačního klidu a hromadného vymírání neboli extinkce, což je vyhytnutí určitého biologického taxonu.

Speciace je obvykle velmi pomalá a spočívá v postupném hromadění mutací a posunu alelových frekvencí po dobu tisíců, ale většinou milionů let. Dokud tedy bude rychlost speciace stejná nebo větší než rychlost extinkce, bude druhová

rozmanitost konstantní nebo bude vzrůstat. Až doposud byla vždy rychlost speciace s rychlostí vymírání v rovnováze, případně byla větší (*Jarklová, Pelikán, 1999*). Fossilní záznam nám však říká, že velká většina druhů nakonec vymře. Víme, že více než 99 % druhů, které kdy existovaly, už vymřelo. Vezmeme-li tedy v úvahu, že dle našich domněnek se délka existence jednotlivých druhů pohybuje v průměru od 1 do 10 milionů let a že střídmý odhad počtu druhů na Zemi je 10 milionů, pak můžeme předpovídat, že každé století vymře v průměru něco mezi 100 až 1000 druhy (0,001 – 0,01 %). V současnosti pozorovaná extinkce je 1 % za 100 let (*Townsend, et al., 2010*) což znamená, že nyní je extinkce 100 až 1000krát větší a to téměř výlučně v důsledku lidské činnosti. Nynější ztráta druhů je zcela bezpříkladná, ojedinělá a nevratná (*Jarklová, Pelikán, 1999*).

Jestliže se zaměříme na diverzitu chovaných nebo pěstovaných druhů, pak je překvapivé, jak nízká je ve srovnání s celkovou druhovou diverzitou rostlin a živočichů na Zemi. Příkladně, dodnes je popsáno zhruba 350 tisíc druhů vyšších rostlin. Z toho je asi 30 tisíc považováno za druhy jedlé, resp. druhy potenciálně potravně využitelné. Reálně je nebo bylo člověkem využito za účelem obživy asi 7 tisíc druhů. Zemědělství však využívá v současné době pouze malý počet druhů rostlin pro základní obživu lidstva. Celosvětově se jedná cca o 15 druhů, zejména obilovin, které tvoří 90 % spotřeby energie lidstva. Velmi podobná situace jako u rostlin je u živočichů, kterých je dodnes popsán zhruba 1 milion druhů. Produkčně je však využíváno v chovech něco přes 60 druhů, ale největší význam mají pouze 3 – 4 druhy (skot, prase, ovce, slepice).

Biologická diverzita se dělí do několika podskupin a to na diverzitu druhovou, ekosystémů a genetickou.

2.9.1 Druhová diverzita

Druhová diverzita zahrnuje veškeré druhy, které se nacházejí na Zemi (*Primack, 2001*), a jejich dynamiku v prostoru a čase (*Šarapatka, 2010*).

Druh může být definován dvěma způsoby:

- 1) Druh je skupina jedinců, která je některou vlastností morfologicky, fyziologicky nebo biochemicky odlišná od jiných skupin (morfologická definice druhu). K odlišení téměř identicky vypadajících druhů se stále častěji

využívá rozdílů v sekvencích DNA a dalších molekulárních znaků (*Primack, 2001*).

- 2) Skupina jedinců, geneticky jednotných, kteří se mezi sebou kříží a dávají si plodné potomstvo – biologická definice (*Jarklová, Pelikán, 1999*).

Druhovú diverzitu se dá dělit na:

- 1) Lokální – je druhová rozmanitost konkrétního společenstva
- 2) Regionální – je druhová rozmanitost v rámci větších geografických oblastí
- 3) Globální – vyjadřuje celkový počet druhů na zemi (*Hudcová, 2013*).

2.9.1.1 Měření druhové diverzity

Koncept biodiverzity je důležitý pro mnoho účelů. Jeden z těchto důvodů je, že nám může poskytnout informace o tom, jak se mění druhové složení na Zemi. Nicméně abychom mohli údaje o diverzitě porovnávat, musíme být nejprve schopni ji nějakým způsobem měřit. Teprve pak můžeme řešit takové zásadní otázky, jako jak se biodiverzita změnila v čase, v jakém je nyní stavu a jak ji dále uchovat (*Gaston, Spicer, 1998*).

Podle *Whittakera (1972)* můžeme rozdělit diverzitu do tří skupin: alfa diverzita, beta diverzita a gama diverzita.

Alfa diverzita (lokální)

Diverzita v rámci jednoho společenstva či stanoviště. Kromě počtu druhů může být i vyjádřena některým z indexů diverzity například:

Shannon-Weaverův index:

Je jedním z nejpoužívanějších indexů. Tento index vychází z informační teorie a matematický vztah pro jeho výpočet je:

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

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

Předpokladem tohoto indexu je náhodný výběr jedinců z teoreticky neomezeného množství a přítomnost všech druhů společenstva ve vzorku. Teoreticky

může index nabývat hodnot od 0 při absolutní dominanci jednoho druhu až do $1/n$ při absolutní vyrovnanosti abundancí všech druhů. Obvykle však nabývá hodnot od 1,5 až 4,5 (Divíšek, Culek, 2013).

Simpsonův index:

Jedním z nejjednodušších, ale také hojně využívaných indexů je Simpsonův index diverzity (index dominance). Tento index zjišťuje přítomnost dominantních druhů ve společenstvu. Hodnotí se významnost druhů (Kovář, 2000).

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

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

Beta diverzita (krajinná)

Popisuje strukturní komplexitu prostředí, je mírou rozdílnosti druhového složení mezi společenstvy podél určitého gradientu prostředí, zeměpisné šířky nebo mezi společenstvem a jeho okolím. Beta diverzita je tím vyšší, čím méně společných druhů společenstva obsahují (Whittaker, 1972).

Jaccardův index:

Je nejstarším indexem, který vyjadřuje podobnost druhového složení dvou různých společenstev. Tento index porovnává počet druhů v jednotlivých společenstvech (A, B) s počtem druhů, které jsou v obou stejné (Kovář, 2000).

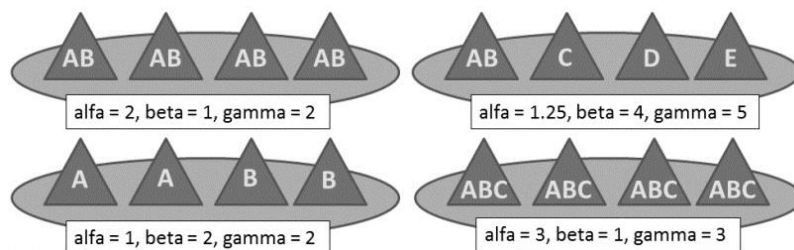
$$IS_j = \frac{c}{A+B-c} \times 100$$

A – počet druhů na prvním stanovišti, B – počet druhů na druhém stanovišti, c – počet druhů, kteří jsou společní pro obě stanoviště

Gama diverzita (regionální, nadregionální)

Je celkovou diverzitou dané oblasti a je definována součinem beta a průměrné alfa diverzity. V jiném pojetí je obdobou beta diverzity ve větším měřítku, porovnávající rozdíly mezi druhovým složením společenstev v různých regionech (Divíšek, Culek, 2013).

Obr. č. 10: Ilustrace rozdílu mezi jednotlivými typy diverzity. Každé písmeno značí jeden druh. Trojúhelníky označují konkrétní stanoviště (např. horu) a elipsy geografický celek (např. pohoří)



(Zdroj: <http://is.muni.cz>)

2.9.2 Diverzita ekosystémů

Ekosystém je ucelená část přírody (biosféry), která není uzavřená a komunikuje s ostatními částmi přírody. Je to základní jednotka funkčního celku živé přírody Země. Stanovit hranice ekosystému je velmi těžké. Všeobecně se stanovují tam, kde se vyskytuje mnoho nespojitostí, jako například v typech půdy, povodích anebo v hloubce vodních nádrží (*Ekosystém*).

Autorem termínu „*ekosystém*“, je britský botanik A. G. Tansley, který v publikaci *Brity ecologist* ekosystém definoval jako: „*soubor organismů a faktorů jejich prostředí v jednotě jakékoli hierarchické úrovně*“ (Míchal, 1992).

Diverzitu ekosystémů můžeme dělit například na diverzitu mořských a pobřežních ekosystémů, vnitrozemských vodních ekosystémů, lesních ekosystémů, aridních a subhumidních suchozemských ekosystémů, nebo např. zemědělských ekosystémů (Roth, Plesník, 2004).

Diverzita ekosystémů se v první řadě vztahuje k celým ekologickým systémům, tvořících strukturu krajiny, k rozmanitosti společenstev a jejich biotopů. Mezi jednotlivými složkami probíhá koloběh hmoty a tok energie, mezi ekosystémy pak výměna informací i energie v rámci krajiny (Urban, Šarapatka, 2003).

2.9.3 Genetická diverzita

Genetickou diverzitu chápeme jako různost mezi živými organismy, která je geneticky fixována (Čítek, 2004).

Tato variabilita je primárně určována společným působením přírodního výběru a genetického driftu (Townsend, et al., 2010), což jsou náhodné posuny ve

frekvenci jednotlivých alel v genofondu populace (*Flegr, 2005*). Relativní důležitost genetického driftu je vyšší v malých izolovaných populacích, u kterých drift vede ke ztrátě genetické variability. Rychlost tohoto děje je závislá na efektivní velikosti populace, což je velikost populace, která by byla „geneticky ideálním“ ekvivalentem dané populace (*Townsend, et al., 2010*).

Genetická diverzita neboli genová rozmanitost na Zemi je tedy v rámci druhu často ovlivněna reprodukčním chováním jedinců v populaci (*Primack, 2001*). Populaci rozumíme skupinu všech jedinců téhož druhu, které se vyskytují na určitém místě a ve stejném čase. Předpokládá se u nich vzájemné křížení a výměna genetických informací (*Jarklová, Pelikán, 1999*). Druh může zahrnovat jednu či více oddělených populací a ta může být tvořena několika jedinci nebo i miliony jedinců (*Primack, 2001*).

V každé z nich se jedinci navzájem geneticky liší. Jejich genetická různorodost úměrně roste s velikostí dané populace, protože jedinci mají mírně odlišné geny, které kódují specifické proteiny. Různé formy genu se nazývají alely a rozdíly v nich narůstají v důsledku mutací. Jednotlivé alely genu mohou rozdílně ovlivňovat vývoj a fyziologii organismu. Šlechtitelé zemědělských plodin a zvířat využívají genetické variability k vyšlechtění výnosnějších a odolnějších kmenů domestikovaných druhů.

Genetická variabilita vzrůstá, když potomci obdrží jedinečnou kombinaci genů a chromozomů od rodičů díky rekombinaci, která probíhá při sexuálním rozmnožování. K výměně genů mezi chromozomy dochází během meiozy (*Primack, 2001*), tedy při procesu kdy se diploidní počet chromozomů v buňce snižuje na polovinu a stává se haploidním (*Snustad, Simmons, 2009*). Tímto vznikají nové kombinace rodičovských chromozomů v geneticky jedinečném potomkovi. Ačkoli jsou mutace základem genetické variability, schopnost druhů náhodně přeskupovat alely do různých kombinací při sexuálním rozmnožování dramaticky zvyšuje možnosti genetické variability (*Primack, 2001*).

Genetická variabilita populace je dána jak počtem genů, které mají více než jednu alelu v genomu – jsou tzv. polymorfní, tak počtem alel každého polymorfního genu. (*Primack, 2001*).

V oblasti chovu hospodářských zvířat dochází k dlouhodobému úbytku genetické diverzity. Například v roce 1984 se udávalo, že jen v Evropě existuje 737 plemen pěti hlavních hospodářských zvířat a z nich 240 je vážně ohroženo.

Celosvětový odhad z roku 1995 udává 3 882 plemen 28 hospodářských zvířat, z nichž 501 z 3 019 savčích a 372 z 863 ptačích je ohroženo na existenci. Skutečné počty ohrožených plemen ovšem budou pravděpodobně významně vyšší (*Šarapatka, 2010*).

2.9.3.1 Důvody k ochraně diverzity

Kulturně historické důvody – výsledkem činnosti člověka, které jsou předmětem národního dědictví, jsou nejen kulturní díla a historické objekty, ale i vyšlechtěná plemena zvířat a odrůdy rostlin. Je tedy důležité starat se o naše kulturní dědictví.

Ekonomické důvody – ekonomy bylo vypočteno, že náklady na chov již výkonnostně překonaných plemen jsou potenciálně jen zlomkem výnosů, které mohou v budoucnu přinést tím, že dojde k využití v těchto plemenech zakonzervovaných genů.

Šlechtitelské důvody – eroze biodiverzity (pozn. pojmem eroze biodiverzity označujeme úbytek druhů jejich vymíráním) v jakýchkoliv jejích složkách vede ke snižování variability, ze šlechtitelského hlediska k zužování výběrové základny. Z kvantitativní genetiky je zřejmé, že docilovaný selekční efekt je na variabilitě přímo závislý.

Estetické důvody – jsou zřetelné zejména u plemen zvířat. Skotský náhorní skot v Anglii, stejně jako česká červinka na Šumavě patřily historicky ke koloritu krajiny, byly produkty určitého prostředí a je povinností současných generací nenechat tato plemena zaniknout.

Etické důvody – je morální povinností člověka pečovat o uchování kulturně historického dědictví na úseku biodiverzity.

Ostatní důvody – je celá řada dalších důvodů, které odůvodňují aktivity vedoucí k uchování biodiverzity, např. náboženské nebo filosofické názory, politické aktivity apod. (*Řehout, et al., 2005*).

2.9.3.2 Význam ochrany genetické diverzity z chovatelského hlediska

Z praktického hlediska se zachování genetické diverzity může v budoucnosti stát rozhodující podmínkou pro další šlechtění. Důležité je přitom jak její uchování uvnitř velkých komerčně využívaných plemen, tak i záchrana málo početných původních plemen (genových rezerv).

V průběhu šlechtění, zejména je-li tento proces velmi intenzivní a je-li vyvíjen silný selekční tlak, může dojít k úbytku geneticky využitelné variability. Dále mohou být odhaleny dosud neznámé vlastnosti u původních plemen, ke změně ekonomického významu užitkových znaků, ke změně technologie chovu, nebo názoru spotřebitelů na jakost potravin.

Ochrana genetické různorodosti by proto měla vést cestou záchrany co možná největšího počtu původních plemen a uchování vnitřní genetické diverzity nejen u ohrožených genových rezerv, ale i u početnějších plemen. Náklady spojené s uchováním genetické diverzity jsou většinou považovány za relativně přijatelné s ohledem na budoucí možné přínosy (*Řehout, et al., 2005*).

Všechny tři hierarchické úrovně spolu navzájem souvisejí a taktéž ochrana biodiverzity musí být uskutečňována na všech třech úrovních ve vzájemných souvislostech.

2.9.3.3 Ochrana diverzity

Během celé své historie vytvářela lidská společnost pravidla a zvyky, které udržovaly přírodní zdroje v určitých mezích, a vylučovaly tak jejich dlouhodobé poškození. Otázky péče o biodiverzitu byly na pořadu mezinárodních jednání řadu let, ačkoli první mezinárodní smlouvy zaměřené na životní prostředí se zabývaly především regulováním nadměrného využívání určitých konkrétních druhů (*Roth, Plesník, 2004*).

Mezníkem v ochraně diverzity je Úmluva o biologické rozmanitosti (Convention on Biological Diversity – *CBD*), která byla poprvé představena roku 1992 na konferenci v Rio de Janeiro (vláda České republiky schválila úmluvu svým usnesením v roce 1993).

Hlavními cíli této úmluvy, které mají být sledovány v souladu s jejími příslušnými ustanoveními, jsou ochrana biodiversity, trvale udržitelný způsob využívání jejích složek, a spravedlivé a rovnocenné rozdělení přínosů, plynoucích z využívání genetických zdrojů, včetně odpovídajícího přístupu ke genetickým zdrojům a odpovídajícího předávání příslušných technologií při zohlednění všech práv na tyto zdroje a technologie, a včetně odpovídajících způsobů financování (*Informační systém 2*).

Na základě této úmluvy byla vypracována *Strategie ochrany biodiverzity České republiky*, což je první materiál svého druhu, který zaštituje komplexní

ochranu biodiverzity v České republice, a to proto, že pokrývá jak strategická témata ochrany in situ, ex situ, invazních druhů, apod., tak také definuje problémové okruhy a cíle v biodiverzitě v sektorových a složkových politikách – lesní ekosystémy, vodní a mokřadní ekosystémy, doprava, energetika, cestovní ruch, apod. (*Informační systém*).

2.9.3.4 Hlavní zdroje genetické variability v populaci

Mutace

Mutace je takový proces, který generuje genetickou variabilitu. Mutace, změny ve struktuře genetického materiálu, jsou na úrovni druhu jediným zdrojem variability a evolučních novinek, což znamená, že bez jejich existence by se biologická evoluce dříve či později zastavila (*Flegr, 2005*).

Mutace můžeme definovat jako změny ve struktuře genetického materiálu respektující pravidla zápisu genetické informace, nebo také jako náhodné změny v sekvenci nukleotidů, k nimž dochází v průběhu replikace nebo v průběhu reparace poškození nukleové kyseliny, u většiny organismů dvouřetězcové molekuly DNA. Tyto mutace jsou náhodné co do směru a míry svého působení na fenotyp organismu, nikoli však co do místa svého vzniku nebo své molekulární podstaty.

Mutace můžeme rozdělit podle celé řady kritérií. Podle jejich fyzické povahy je můžeme dělit na mutace bodové, mutace na úrovni úseku DNA (řetězcové), na úrovni chromozomů a na úrovni celého genomu (*Flegr, 2005*).

Rekombinace DNA

Při rozmnožování pomocí gamet dochází na několika úrovních k rekombinaci genetické informace rekombinací genů a to při segregaci chromosomů při crossing – overu a při oplození. Z toho vyplývá, že potomci jistých rodičů nemohou být geneticky naprosto shodní, mají jinou, tj. rekombinovanou genetickou informaci. Tyto genetické rekombinace jsou dalším zdrojem genetické variability a tím zdrojem variability ve fenotypových vlastnostech mezi jedinci téhož druhu (*Hančová, Vlková, 2008*).

Segregace chromozomů

Rozchod chromozomů do gamet je náhodný jev. Všechny somatické buňky a tedy i buňky zárodečného epitelu, z nichž meiózou vznikají gamety, vznikly mitotickým dělením zygoty, v níž každý pár homologických chromozomů je tvořen jedním původně mateřským a druhým otcovským. Při meióze se chromozomy každého páru rozcházejí zcela nezávisle na rozchodu párů ostatních a v gametách jsou proto původní mateřské a otcovské chromozomy náhodně „promíchány“.

Pravděpodobnost, že gameta při meióze získá kompletní mateřskou nebo otcovskou sadu chromozomů je tím menší, čím větší je počet chromozomů v sadě (Hančová, Vlková, 2008).

2.10 Metody hodnocení genetické diverzity

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

Nejčastěji používané míry k vyjádření genetické variability v populacích jsou polymorfismus a heterozygotnost (Relichová, 1997).

2.10.1 Heterozygotnost

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

Heterozygot je jedinec, jehož genotyp je v daném lokusu tvořen odlišnými alelami (Ridley, 1993) umístěnými na homologních chromozomech. Heterozygotnost je pravděpodobnost, že dvě náhodně zvolené alely z populace nejsou identické (Čítek, 2004).

Při odhadu heterozygotnosti populace se nejdříve stanoví četnosti jedinců heterozygotních v každém lokusu a potom se vypočítá průměr pro všechny lokusy (Relichová, 1997).

Výpočet heterozygotnosti

$$H = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

P_i = frekvence i -té alely

n = počet alel (Čítek, 2001)

Heterozygotnost experimentální (H_i-exp)

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

n = celkový počet náhodně vybraných jedinců z dané populace

n_{hi} = počet heterozygotních jedinců na i -tém lokusu (Řehout, et al., 2005)

Průměrná heterozygotnost

Je odhad podílu genů, které jsou u průměrného jedince heterozygotní (Zima, et al., 2004).

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

r = počet lokusů i

$H_{i\text{-exp}}$ = heterozygotnost daného lokusu i (Řehout, et al., 2005)

Heterozygotnost teoretická

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

p_{ij} = četnost j -té alely na i -tém lokusu

n_i = počet alel alternujících na i -tém lokusu (Řehout, et al., 2005)

Polymorfní informační obsah (PIC)

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

p_i = četnost i-té alely

n = počet alel

HET = heterozygotnost (*Řehout, et al., 2005*)

Efektivní počet alel

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

n_i = počet alel j segregujících na lokusu i

ena_i = příslušný lokus i

2.10.2 Polymorfismus

Polymorfismus nám udává podíl polymorfních lokusů v populaci, které se nachází ve frekvenci alespoň 1 % (*Relichová, 1997*) a je podmíněný genetickými rozdíly v sekvencích DNA. Oproti tomu pro alely s frekvencí nižší než 1% je pravidlem používat termín vzácné varianty, neboli mutace (*Nussbaum, 2004*).

Genetický polymorfismus tvoří významnou část intrapopulační genetické variability (*Řehout, et al., 2003*). Většina významných vlastností u prasat (růst, plodnost, kvalita masa, atd.) jsou znaky kvantitativní. U kvantitativních znaků se na výsledném fenotypu podílí neznámý počet lokusů, prostředí a jejich vzájemná interakce (*Hughes, 2013*). Moderní metody molekulární genetiky společně s rozvojem metod matematicko-statistického vyhodnocení umožňují při rozvinutém systému šlechtění systematické využívání genetického polymorfismu. Zvyšuje se tak přesnost odhadu genetického založení jedince (*Humpolíček, 2007*).

Jako polymorfní označujeme takový lokus, u kterého frekvence nejpočetnější (obecné) alely dosahuje nejvýše 95% ($p \leq 0,95$). V případě analýzy vzorků s vysokými počty jedinců bývá někdy aplikováno citlivější kritérium polymorfismu

s frekvencí obecné alely (99%, $p \leq 0,99$). Podíl polymorfních genů podle 0,95 kritéria je dán vzorcem:

$$P = N_{0,95}/n$$

Kde $N_{0,95}$ je počet polymorfních genů a n je celkový počet vyšetřených genů (Zima, et al., 2004).

Polymorfismus můžeme členit do několika skupin:

- a) Polymorfismus DNA
- b) Polymorfismus biochemický
- c) Polymorfismus imunologický
- d) Polymorfismus morfologický (Čítek, 2004)

Polymorfismus biochemický

Podstatou biochemického polymorfismu je výskyt několika strukturně nebo funkčně odlišných variant jednoho proteinu, jehož syntéza je řízena z jednoho lokusu. Variabilita proteinů je dána změnami v jejich primární struktuře počtem prostetických skupin, změnami na velikosti elektrického náboje, velikostí a celkovým uspořádáním molekuly (Řehout, et al., 2003).

Polymorfismus imunologický

Tento polymorfismus se využívá jako determinant krevních skupin. Antigeny krevních skupin se řadí mezi první objevené genetické polymorfismy. Jak je známo, tak v jednotlivých složkách krve existují četné polymorfismy (Vlachová, 2010).

Polymorfismus morfologický

Je dán rozdílným utvářením povrchu tkání. Typickým příkladem je dermatoglyfická variabilita. Tato variabilita je způsobena nejen různým genotypem, ale i působením vnějších faktorů na plod již v době 1. třetiny gravidity (Sekal, 2010).

Polymorfismus DNA

Jakákoli genetická variabilita má svůj základ na úrovni DNA. Tato skutečnost platí pro každou variabilitu akceptovatelnou na fenotypové úrovni, tedy i pro

biochemický, imunogenetický a morfologický polymorfismus. Ve fenotypu se však projeví jen malá část variability DNA (*Sekal, 2010*).

Tato skutečnost je způsobená zejména tím, že exony kódujících genů tvoří jen malou část, řádově několik procent celkové genomové DNA, zbytek připadá na nekódující sekvence včetně intronů. Fenotypově se však neprojeví i taková změna exonu, která díky degeneraci genetického kódu nevede k záměně aminokyseliny. Na úrovni DNA tedy existuje velké množství polymorfismů, jejichž detekce je možná jen metodami molekulární genetiky (*Řehout, et al., 2003*).

DNA polymorfismus se dále dělí na – bodový polymorfismus, repetitivní sekvence.

2.10.3 Genetické markery

Pod pojmem genetický marker je možné si představit detekovatelnou variabilitu DNA o známém umístění na chromozomu, která sama ovlivňuje fenotypový projev určitého znaku, anebo je ve vztahu s variabilitou DNA, která jej ovlivňuje (*Humpolíček, 2005*).

Genetický marker využitelný ve šlechtění:

- musí mít známý způsob dědičnosti
- musí být polymorfní, mít v populaci více variant (alel)
- musí být vypracovány vhodné metody jejich zjišťování
- musí být zjistitelný v každém věku zvířete, včetně embryí, nebo spermatu
- pro znaky vyskytující se jen u jednoho pohlaví se musí dát zjistit i u druhého pohlaví
- pro znaky produkce a kvality masa, které jsou hodnotitelné až po porážce a rozbourání, lze genotyp markerového lokusu určit již u mladých zvířat (selat, telat), u embryí
- alely jednoho markeru mají mezi sebou kodominantní vztah, tzn. dají se přesně určit jednotlivé genotypy i heterozygotní, které se ve fenotypu neprojeví
- na základě znalostí genotypů markerů se mohou záměrně vybírat rodiče, provádět plemenitba a tak cíleně produkovat jatečná zvířata s určitými, ekonomicky výhodnými genotypy (*Dvořák, Vrtková, 2001*)

Rozdělení markerů dle využití při mapování genomu:

- I. Kódující exprimované geny, mohou být kandidátními geny pro QTL (Quantitative Trait Loci). Tyto geny mají nízkou hladinu polymorfismu a jsou málo používané pro studie diverzity rodin a populací. Významně se používají ve srovnávacím neboli komparativním mapování
- II. Vysoce variabilní sekvence DNA, které se využívají především mikro a minisatelity. Vlivem vysokého stupně polymorfismu (velký počet alel) jsou mikrosatelity vysoce informativní v populačních studiích a při určování rodičovství a jsou základem pro vazbové mapování genů. Tyto markery nemají přímo vliv na variabilitu znaku, ale mohou být ve vazbě s QTL
- III. Jednonukleotidové polymorfismy, které mohou ležet uvnitř kódujících genů, ale častěji nacházející se v nekódujících intronech nebo intergenových oblastech. Jsou uživatelné pro populační a rodinné studie. Význam získávají s rozvojem automatických metod screeningu (*Knoll, Vykoukalová, 2002*)

Mikrosatelity (STR – Short Tandem Repeats)

Mikrosatelity jsou nyní nejčastěji používaný termín k označení sekvence DNA složené pouze z jedné nebo několika tandemově se opakujících nukleotidů. Mikrosatelity byly nalezeny prozatím v každém testovaném organismu. Mohou být vysoce polymorfní, a to zejména v případě pokud jsou dlouhé a bez přerušení. Proto jsou to velice užitečné genetické markery (*Goldstein, Schlotterer, 1999*).

Polymorfismus mikrosatelitů může být rychle a spolehlivě testován pomocí PCR (Polymerase Chain Reaction – polymerázová řetězová reakce). Proto jsou mikrosatelity vhodnými markery pro vazbové mapování genů a studium diverzity (*Knoll, Vykoukalová, 2002*).

Příklad tří různých alel mikrosatelitu lišících se délkou své DNA:

Mikrosatelit (GC)_n n = 5 - 25 opakování

5' ATCGGTATTGCGCGCGCGCGCGCTACGTT 3' n = 8

5' ATCGGTATTGCGCGCGCGCTACGTT 3' n = 5

5' ATCGGTATTGCGCGCGCGCGCGCGCGCTACGTT 3' n = 11

Minisatelite (VNTR – Variable Number of Tandem Repeats)

Jsou jedna třída polymorfismů, která je způsobena tandemovou inzercí několika kopií sekvence DNA o délce 10 až 100 párů bází. Variabilní počet tandemových repetit je charakterizován větším počtem alel, které se liší podle toho, kolik kopií minisatelitu je přítomno. Délka repetice je větší než 6 bp a počet opakování repetice 10 - 100. Minisatelite se převážně vyskytují v telomerických oblastech. Jejich využití je velmi omezené (*Valášková, Kadlecová, 2009*).

2.11 Genetické zdroje

Genetické zdroje představují genetický materiál, tj. materiál rostlinného, živočišného, mikrobiálního či jiného původu obsahující funkční jednotky dědičnosti, který má současné nebo i potencionální využití. Jsou významnou součástí biologických zdrojů, zahrnujících kromě zdrojů genetických též organizmy či jejich části, populace a biotické složky ekosystémů, současné i potencionální hodnoty (*Roudná, Dotlačil, 2007*).

Z legislativního hlediska vymezuje zákon č. 154/2000 Sb. o šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat a o změně některých souvisejících zákonů (plemenářský zákon) jak vyplývá z pozdějších změn genetické zdroje takto:

§ 14 Genetické zdroje

- 1) Genetické zdroje zanikajících nebo málo početných populací plemen vyjmenovaných zvířat se udržují formou čistokrevných stád, hejn nebo včelstev, zmrazeného spermatu, vaječných buněk a embryí.
- 2) Plemena zařazená do genetických zdrojů, osoby pro zpracování a zajišťování programu jejich uchování a obsah těchto programů stanoví vyhláška.
- 3) Vyjmenovaná hospodářská zvířata, s výjimkou kastrátů, stanovená vyhláškou jako genetické zdroje, jejich sperma, vaječné buňky, násadová vejce drůbeže,

embrya, plemenný materiál ryb, mohou vytvářet právnické nebo fyzické osoby jen se souhlasem ministerstva (*Zákon*)

K variabilnímu pojetí termínu genetický zdroj lze přidat ještě v praxi velmi rozšířený pojem genová rezerva, kterým rozumíme zpravidla plemeno zvířat, které je v určitém stupni ohrožení. Pojem genová rezerva definoval zákon č. 240/1991 Sb. o šlechtění a plemenitbě hospodářských zvířat jako samičí a samčí hospodářská zvířata mizejících nebo málo početných plemen, typů, případně linií hospodářských zvířat, která je žádoucí uchovat pro případné budoucí využití při šlechtění nebo výzkumné účely, jejich sperma a embrya (*Řehout, et al., 2005*).

Genetickými zdroji rostlin se zabývá zákon č. 148/2003 Sb. o genetických zdrojích rostlin a mikroorganismů a definuje je jako „odrůdy pěstované rostliny, krajové odrůdy a plané druhy rostlin, které jsou využitelné pro výživu a zemědělství a jejich druh nebo rod je zařazen do národního programu“ (*Šarapatka, 2010*).

2.11.1 Živočišné genetické zdroje

Současný stav v oblasti živočišných zdrojů odráží, obdobně jako u zdrojů rostlinných, vývoj v posledních desetiletích a je jeho výsledkem. Zatímco období do roku 1948 bylo charakterizováno převahou malých farem a převážně drobným chovem, pak následující období (1948 – 1989) bylo poznamenáno řadou změn s výrazným dopadem na živočišnou produkci, včetně změn produkčních systémů. Kolektivizace zemědělské výroby vedla k téměř 100 % dominanci družstev a státních statků, a postupně k centrálně direktivně řízenému objemu, struktury i ceny produkce.

Celý tento proces měl vliv na specializaci chovu. Například v chovu prasat se diferencoval systém chovu prasnic, odchovu selat a výkrmu prasat do specializovaných jednotek.

Od politických a ekonomických změn v roce 1989 docházelo se začátkem období tržně orientované ekonomiky k dalším výrazným změnám. Významný vliv na strukturu živočišné produkce měly dlouhodobé státní podpory a dotace, jejichž hlavním účelem je udržování a zlepšování genetického potenciálu hospodářských zvířat a multifunkčního charakteru zemědělství (*Roudná et al., 2004*).

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

prostředkem ochrany je chov in situ. Další zdroje jsou udržovány ex situ, v genobankách, a to ve formě kryokonzervovaného reprodukčního materiálu. Koordinací činnosti v oblasti genetických zdrojů hospodářských zvířat je v ČR pověřen Výzkumný ústav živočišné výroby Praha – Uhřetěves. Kryobanka genetického materiálu plemen zařazených do Národního programu je umístěna v Hradištku. Plemena mimo Národní program, která jsou natolik rozšířená a početná, aby mohla autonomně existovat v čistokrevné podobě, mají své plemenářské programy a evidují se v plemenných knihách s dlouhodobou řadou dat (*Roudná, Dotlačil, 2007*).

Plemena zvířat zařazených mezi genetické zdroje

Mezi genetické zdroje České republiky jsou od roku 1992 (popřípadě od roku 1996) zařazena tato plemena:

Skot – česká červinka, český strakatý skot

Ovce – šumavská ovce (šumavka), valašská ovce (valaška)

Kozy – koza bílá krátkosrstá (dříve koza bílá krátkosrstá bezrohá), koza hnědá krátkosrstá

Koně – starokladrubský kůň, huculský kůň, slezský norik, českomoravský belgický kůň

Prasata – přeštické černostrakaté prase

Králíci – český strakáč, české luštič, český albín, český červený, český černopesíkatý, moravský modrý, moravský bílý hnědooký

Nutrie – plzeňská třibarevná (přeštická), standardní českého typu, stříbrná (moravská)

Drůbež – česká slepice zlatá kropenatá (česká zlatá kropenka), husa česká (husa česká chocholatá)

Ryby – kapr obecný, pstruh duhový, pstruh obecný (forma potoční), lín obecný, sumec velký, jeseter malý, vyza velká, síh peleď, síh maréna (*Gardiánová, 2012*)

2.11.2 Národní program na ochranu genetické diverzity

Program ochrany genofondu původních plemen se datuje od roku 1994, kdy byla na popud profesora Máchy zpracována studie o vývoji a současném stavu původních druhů a plemen hospodářských zvířat. Tato studie se stala základem návrhu výzkumného projektu s názvem „Národní program uchování a využití

genových zdrojů hospodářských zvířat“, řešeného v období 1995 – 1998 ve Výzkumném ústavu živočišném v Praze – Uhřetěvesi. Výstupem projektu byla identifikace původních plemen a jejich lokalizace, shromáždění jejich dat jako základu pro budoucí databanku a návrh opatření k jejich uchování nebo regeneraci. Česká republika se tak aktivně připojila ke globálnímu programu Dohody o biologické rozmanitosti a FAO (FAO – Global Programmes for Management of Genetic Resources).

Činnost spojená s programem byla jako jedna z mála priorit Ministerstva zemědělství zařazena mezi podporované programy. Rychlý rozvoj dané problematiky ve světovém měřítku vedl k transformaci tohoto podpůrného programu ve standardní a komplexní Národní program ochrany genetických zdrojů pro zemědělství (2003). Mezi jeho úkoly patřila už nejen záchrana, ale udržitelný rozvoj – tj. nalezení udržitelných způsobů využití genetických zdrojů. Na základě novely zákona o plemenitbě (Zákon 130/2006 Sb.) byl v roce 2006 Národní program s účinností od 1.1. 2007 inovován. Inovace zavádí opatření umožňující monitorování vývoje chráněných genetických zdrojů, zahrnuje indikátory pro včasnou výstrahu, zřízení genobanky (*Národní program*).

Národní program má tři specifické části (podprogramy) – Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin a agrobiodiverzity, Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu a Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů zvířat významných pro výživu a zemědělství (*Národní program 2*).

Cíle Národního programu zvířat pro období 2012 – 2016

- a) Uchování existující diverzity genetických živočišných zdrojů a její udržitelný rozvoj
- b) Rozvoj a podpora využití ohrožených a málopočetných původních populací hospodářských zvířat a plemen historicky a kulturně spojených s Českou republikou
- c) Podpora spolupráce při ochraně a setrvalém využívání sdílených genetických živočišných druhů v regionálním (evropském) i celosvětovém měřítku (*Národní program 3*)

Organizace Národního programu zvířat

Pro každé plemeno zařazené do Národního programu zvířat je vypracován projekt uchování, který stanovuje:

- a) Cíl projektu (cílový rozsah a struktura populace, požadované znaky populace)
- b) Způsoby plemenitby a šlechtění (selekce), kontroly užítkovosti a hodnocení znaků, které jsou nad rámec způsobu kontroly užítkovosti daného vyhláškou č. 448/2006 SB., o provedení některých ustanovení plemenářského zákona, a šlechtitelských programů
- c) Způsob a doporučené technologie chovu
- d) Konzervační program „ex situ“
- e) Rozsah údajů, které je povinen vést a poskytovat účastník Národního programu zvířat
- f) Způsob hodnocení stavu a trendu populace
- g) Rozsah a způsob charakterizace
- h) Subjekty odpovědné za realizaci projektu

Hlavní cíle metodického postupu jsou stanoveny na období pěti let a na základě každoročního vyhodnocení upřesňovány podle aktuálního stupně ohrožení a vývoje daného plemene (*Národní program 3*).

2.12 Přeštické černostrakaté prase – Genetický zdroj

Obr. č. 11 – viz přílohy

2.12.1 Vznik přeštického černostrakatého plemene

Před rokem 1850 se na Plzeňsku chovalo prase staročeský štetináč (český hřebenáč). Toto nenáročné a plodné prase však nestačilo zvyšujícím se požadavkům na produkci masa (*O přeštickém praseti*). Proto se v tuto dobu začala dovážet plemena z Anglie, zejména Yorkshire, Sussex, ale také Berkshire, Lincolnshire, Cornwall a Suffolk (*Václavková, Rozkot, Dostálová, 2012*) a také plemena z Německa. Křížením původního plemene s plemeny dovezenými vznikly v oblasti Plzeňska dvě skupiny prasat – přeštické a kralovické. Po 1. světové válce byl v roce 1924 schválen nový plemenářský zákon a prováděcí nařízení k tomuto zákonu v roce 1926. Podle něho bylo od roku 1928 do chovů zaváděno pouze bílé ušlechtilé plemeno a chov přeštických a kralovických prasat byl potlačován. Černostrakatí

kanci byli povoleni používat do roku 1936. Během 2. světové války probíhal zostřený zákaz plemenitby černostrakatých prasat (*O přeštickém praseti*). Za okupace byl zákaz ještě zostřen a jejich chov byl tajný. Plemenitbu řídili sami chovatelé. Ovšem častá příbuzenská plemenitba přinesla nežádoucí vady exteriéru (*Bukovská, 2010*). V rámci jeho poválečné regenerace, která skončila jeho uznáním v roce 1964 za samostatné plemeno, se pro zlepšení reprodukce a konstituce využívalo plemen mirgorodské, livenské, landrase a německé sedlové. Po roce 1964 probíhalo zušlechťování plemenem pietrain, švédská landrase a welsh (*Stupka, et al., 2009*). Užiteklost tohoto plemene byla postupně překonána moderními vysokoprodukčními hybridy, které lépe vyhovují současným podmínkám intenzivního výkrmu ve velkochovech a požadavkům konzumenta na co nejnižší obsah tuku. Právě zhoršené ekonomické ukazatele výkrmu tohoto plemene vedou ke snižování počtu populace přeštického prasete (*Kratochvíl, 2014*). V roce 1992 bylo plemeno zařazeno mezi genetické zdroje (*O přeštickém praseti*).

2.12.2 Charakteristika plemene

Přeštické černostrakaté prase se vyznačuje dobrými reprodukčními vlastnostmi, nenáročností a vysokým stupněm přizpůsobivosti a odolnosti na vnější podmínky prostředí. Plemeno je kombinovaného užitkového typu maso-sádelného s vyšší vrstvou hřbetního tuku (*Václavková, et al., 2010*).

Jde o klapouché plemeno. Poloklapouché či ostrouché ucho je nežádoucí. Barva je černobílá bez vymezení tělesných partií pro černou a bílou a jemnými štetinami (*Stupka, Šprysl, Čítek, 2009*).

Plemeno vykazuje střední tělesný rámec. Má lehkou, mírně prosedlanou hlavu, středně dlouhý, široký, hlubší hrudník, kratší, kompaktní trup, dobře osvalený hřbet s dobře vázanou plecí. Zád' je rovná, kýta dobře osvalená, břicho prostorné s dobře vyvinutými struky (7/7). Končetiny jsou středně vysoké, pevné (*Stupka, et al., 2009*). Kanci dosahují v dospělosti 260 – 280 kg, prasnice 215 – 235 kg (*Václavková, et al., 2010*).

Toto plemeno je vhodné pro produkci šunkových, masných i sádelnatých prasat, má velmi dobrou kvalitu masa. Do 85 kg živé hmotnosti tvoří hlavně svalovinu při průměrném denním přírůstku 700 g, ve vyšší hmotnosti rychle tučnící (*Sambras, 2006*). V hybridizaci se uplatňovalo (do 90. let) jako mateřské plemeno v pozici A (*Stupka, et al., 2009*).

Tab. č. 1 - Počet kanců a prasnic plemenného jádra přeštického černostrakatého prasete

Rok	Celkový počet prasnic	Celkový počet kanců	Počet chovů
2002	340	37	9
2003	332	39	9
2004	348	35	7
2005	332	33	7
2006	331	30	7
2007	311	23	5
2008	189	23	4
2009	245	36	6
2010	192	28	6
2011	196	32	10
2012	206	42	12
2013	302	56	15

(Zdroj: www.genetickezdroje.cz)

2.12.3 Způsoby uchování přeštického černostrakatého plemene

Projekt uchování přeštického černostrakatého plemene prasat v rámci Národního programu zajišťuje svaz chovatelů prasat v Čechách a na Moravě (Václavková, et al., 2012).

In situ

Plemeno je chováno od roku 1996 in situ jako genetický zdroj v uzavřené populaci. S populací 330 až 350 prasnic a 35 až 45 plemenných kanců se pracuje v rámci zpřesňovaného programu pro genetický zdroj, pouze potomstvo těchto prasnic se bude podílet na obnově populace přeštického prasete genetického zdroje. Ostatní prasnice v kontrole užítkovosti se podle uvážení jednotlivých chovatelů využívají pro produkční účely jako chovná zvířata. Každým rokem bude provedena dlouhodobá kryokonzervace semene u nově zařazených kanců (Fiedler, 2006).

Tab. č. 2 - Seznam chovů zapojených do Národního programu a průměrný počet prasnic v roce (2013)

Podnik	Chov	Průměrný počet prasnic (2013)	Počet prasnic k 31.12. 2013
Medito s.r.o.	Doubravčany	4	7
Jihočeská universita	Školní statek	9	9
Žihelský statek a.s.	Velká Čemá Hat'	30	28
ZD Mladotice	Mladotice	78	76
VÚŽV Praha	Kostelec nad orlicí	11	10
Miloš Švec	Běleč nad orlicí	8	15
Petra Hudečková	Trnava	4	16
Zemet s.r.o.	Mysločovice	11	21
Zemas a.s.	Terezín	34	50
Pavel Kostrbel	Tučapy u Holešova	8	20
Ing Marián Sedlář	Pod lesem Cvrčovice	5	12
Chovservis a.s.	Radostov	5	14
Blanka Moresová	Milotice	4	11
Selvem s.r.o	Hrušky	6	9
Korneliusz Walek	Skorošice	3	4

(Zdroj: www.genetickezdroje.cz)

Ex situ

Jednou z cest, jak uchovat genetické zdroje pro budoucnost, je kryokonzervace spermií, kdy se sperma ředí speciálními ředidly pro dlouhodobou konzervaci hlubokým zmrazením na teplotu tekutého dusíku -196 °C. Je to velmi cenný způsob konzervace využívaný pro dlouhodobé uskladnění spermií a prakticky vede k jeho neomezenému využití. Inseminační dávky jsou uskladněny ve formě pejet. Každým rokem je v rámci uchování přeštického plemene ex situ provedena dlouhodobá kryokonzervace semene u 6 – 8 kanců (Fiedler, 2006).

V roce 2011 se v centrální kryobance Hradištko nacházelo 159 inseminačních dávek a 434 pejet a v Kostelci nad Orlicí celkem 6072 pejet. Inseminační dávky uložené v kryobance slouží k revitalizaci linií plemene, např. byly obnoveny linie Mason, Amperor, Sáčko a Akoga, které jsou stále aktivně využívány (Václavková, et al., 2012).

Tab. č. 3 - Vývoj reprodukčních vlastností plemene přeštické černostrakaté

	1960	1965	1970	1982	1990	1995	2000	2005	2010
Počet všech narozených selat/vrh	11,3	11,4	10,6	10,7	11,2	11,3			
Počet živě narozených selat/vrh	10,6	10,9	10,1	9,9	10,5	10,4	11	10,5	10,2
Počet dochovaných selat/vrh	9,7	9,6	9,2	8,8	9,6	9,5	9,6	9,4	9,3
Mléčnost (kg)	49,7	51,3	53	49,4	57	53,6	53,4	58,3	52,8
Mezidobí (dny)			173,8	167,5	166	177	161,6	160,8	159,7

(Václavková, et al., 2012)

3. Závěr

V této bakalářské práci jsem se zabýval genetickou diverzitou prasat. Zkoumání a zachování biodiverzity je v posledních letech velmi aktuálním tématem. Člověk svojí činností velmi intenzivně ovlivňuje biodiverzitu ať už druhovou, ekosystémovou nebo genetickou. Pokud chceme genetickou diverzitu lépe pochopit a zachovávat musíme mít znalosti o tom, co ji ovlivňuje a jak ji můžeme hodnotit. Proto v mé práci popisuji hlavní zdroje genetické variability nebo metody jejího hodnocení.

Další velmi důležitá část mé bakalářské práce se zabývá genetickými zdroji zvířat. Genetické zdroje zvířat jsou nenahraditelným zdrojem nové genetické diverzity pro další šlechtění hospodářských zvířat. Jejich uchování a využívání se v České republice i ve světě dočkalo vzrůstající pozornosti. Do genetických zdrojů se zařazují zejména plemena původní, „primitivní“. Tato plemena nemohou v užitkovosti konkurovat kulturním plemenům, ale zato jsou nositeli genů, které zabezpečují například bezproblémovou reprodukci a porody. Další výhodou těchto plemen je, že jsou přirozeně adaptovaná v místech svého vzniku a s tím souvisí jejich vysoká odolnost vůči patogenům a chorobám. Takovým plemenem je i přeštické černostrakaté prase, které bylo vyšlechtěno již po roce 1850 na Plzeňsku. Přeštické prase se nepodílí velkou měrou na produkci jatečných prasat, avšak je dobře, že je zařazeno v Národním programu na ochranu genetických zdrojů, jelikož má velký význam jak po historické stránce, tak po stránce genetické.

4. Seznam použité literatury

AI, Huashui, Lusheng HUANG, Jun REN a Christine A. KOZAK. *Genetic Diversity, Linkage Disequilibrium and Selection Signatures in Chinese and Western Pigs Revealed by Genome-Wide SNP Markers*. PLoS ONE. 2013-2-7, vol. 8, issue 2, e56001-. DOI: 10.1371/journal.pone.0056001.

Dostupné z:

<http://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0056001>

BERANOVÁ, Magdalena a Antonín KUBAČÁK. *Dějiny zemědělství v Čechách a na Moravě*. 1. vyd. Praha: Libri, 2010. ISBN 9788072771134.

BUKOVSKÁ, Daniela. *Živý poklad z Čech - Přeštické černostrakaté prase*. In: *Ifauna* [online]. 2010 [cit. 2014-11-25].

Dostupné z:

<http://www.ifauna.cz/skot-prasata/clanky/r/detail/4138/zivy-poklad-z-cech-presticke-černostrakate-prase/>

BURGOS-PAZ, W., C. A. SOUZA, A. CASTELLÓ, A. MERCADÉ, N. OKUMURA, I. N. SHEREMET'EVA, L. S. HUANG, I. C. CHO, S. R. PAIVA, S. RAMOS-ONSINS a M. PÉREZ-ENCISO. *Worldwide genetic relationships of pigs as inferred from X chromosome SNPs*. *Animal Genetics*. 2013, vol. 44, issue 2, s. 130-138. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2012.02374.x.

Dostupné z:

<http://doi.wiley.com/10.1111/j.1365-2052.2012.02374.x>

ČÍTEK, Jindřich. *Genetická diverzita hospodářských zvířat*. In: www.eamos.cz, 2004 [cit. 2014-11-08].

Dostupné z:

<http://www.eamos.cz/amos/koz/index.php?fak=zf&identifik=koz>

ČÍTEK, Jindřich. *Studium genetické diverzity a ochrana genových zdrojů skotu*. České Budějovice, 2001. Habilitační práce. Jihočeská Univerzita.

DIVÍŠEK, Jan a Martin CULEK. *Biogeografie*. 2013. ISBN 978-80-210-6801-8, ISSN 1802-128X.

Dostupné z:

http://is.muni.cz/do/rect/el/estud/prif/ps13/biogeogr_2/web/pages/uvod.html

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

EKOSYSTÉMY. *Co je ekosystém?* [online]. 2010 [cit. 2014-11-22].

Dostupné z:

<http://www.ekosystemy.estranky.sk/clanky/co-je-ekosystem/co-je-ekosystem.html>

FYLOGENIE PRASETE. *EAMOS* [online]. 2002 - 2014 [cit. 2014-11-23].

Dostupné z:

http://eamos.pf.jcu.cz/amos/koz/modules/low/kurz_text.php?id_kap=1&kod_kurzu=koz_0885

FADISTA, João, Marianne NYGAARD, Lars-Erik HOLM, Bo THOMSEN, Christian BENDIXEN a Juergen KROYMANN. *A Snapshot of CNVs in the Pig Genome*. *PLoS ONE* [online]. 2008-12-16, vol. 3, issue 12, e3916- [cit. 2014-03-23]. DOI: 10.1371/journal.pone.0003916.

Dostupné z:

<http://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0003916>

FIEDLER, Jaromír. *Metodika chovu – přeštické černostrakaté prase*. Genetické zdroje, 2006.

Dostupné z:

http://www.genetickezdroje.cz/sites/File/metodika/Metodika_PrasePresticke.pdf

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

GASTON, Kevin J a John I SPICER. *Biodiversity: an introduction*. Malden, MA, USA: Blackwell Science, 1998, x, 113 p. ISBN 06-320-4953-7.

GARDIÁNOVÁ, Ivana. *Národní dědictví - genové rezervy České republiky*. In: *Vertebratus* [online]. 2012 [cit. 2014-11-22].

Dostupné z:

<http://vertebratus.cz/index.php/genetika/33-narodni-dedictvi-genove-rezervy-ceske-republiky>

GIUFFRÀ E., KIJAS J.M., AMARGER V., CARLBORG O., JEON J.T., ANDERSSON L. (2000) *The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression*. *Genetics* 154, 1785–1791, ISSN: 0016-6731

GOEDBLOED, D. J., H.J. MEGENS, P. VAN HOOFT, J. M. HERRERO-MEDRANO, W. LUTZ, P. ALEXANDRI, R. P. M. A. CROOIJMANS, M. GROENEN, S. E. VAN WIEREN, R. C. YDENBERG a H. H. T. PRINS. *Genome-wide single nucleotide polymorphism analysis reveals recent genetic introgression from domestic pigs into Northwest European wild boar populations*. *Molecular Ecology*. 2013, vol. 22, issue 3, s. 856-866. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2012.05670.x.

Dostupné z:

<http://doi.wiley.com/10.1111/j.1365-294X.2012.05670.x>

GOLDSTEIN, David B a Christian SCHLÖTTERER. *Microsatellites: evolution and applications*. New York: Oxford University Press, 1999, xv, 352 p. ISBN 01-985-0408-X.

HAIČ F., KOŠVANEC K.. *Obecná zootechnika*. Vyd. 1. České Budějovice: Jihočeská univerzita, Zemědělská fakulta, 1995. ISBN 978-807-0401-484.

HANČOVÁ, Hana a Marie VLKOVÁ. *Biologie v kostce: pro střední školy : [obecná biologie, botanika, zoologie, biologie]*. 1. vyd. Praha: Fragment, 2008, 176 s. Maturita v kostce. ISBN 978-80-253-0606-2.

HANZAL, Vladimír. *Penzum znalostí z myslivosti: pro studující, kteří se připravují ke všem druhům mysliveckých zkoušek, pro soudobé myslivce i lovce, pro sokolníky, kynology, střelce, přátele myslivosti, pro milovníky přírody, ochránce zvířat a životního prostředí*. 9. vyd. Ilustrace František Liebl. Praha: Druckvo, 2008, 819 s. ISBN 978-80-904056-0-8.

HAVRÁNEK, František. *Biologie prasete divokého a nebezpečí onemocnění morem prasat*. In: *www.cmmj.cz*. 2000 [cit. 2014-03-23].

Dostupné z:

<http://www.cmmj.cz/Myslivost/Biologie-prasete-divokeho-a-nebezpeci-onemocneni-m.aspx>

HÁJEK, Jan. *Prasata v drobném chovu a na farmách*. Jílové u Prahy: Apros, 1992, 256 s. ISBN 80-901-1002-9.

HROMAS, Josef. *Myslivost*. Písek: Matice lesnická s.r.o., 2008. ISBN 978-80-86271-00-2.

HUDCOVÁ, Jana. *Biodiverzita*. 2013. Dostupné z: www.rvp.cz

HUGHES, Austin L. *Accumulation of slightly deleterious mutations in the mitochondrial genome: A hallmark of animal domestication*. *Gene*. 2013, vol. 515, issue 1, s. 28-33. DOI: 10.1016/j.gene.2012.11.064.

HUMPOLÍČEK, Petr. *Perspektivní genetické markery v chovu prasat*. In: *Genoservis* [online]. 2005 [cit. 2014-11-11].

Dostupné z:

<http://www.genoservis.cz/cz/poradenstvi/clanky/slechtenu-prasat/226-perspektivni-geneticke-markery-v-chovu-prasat>

HUMPOLÍČEK, Petr. *Studium vztahu genetických markerů a užitkových vlastností prasat*. Brno, 2007. Doktorská, Disertační. Mendelova zemědělská a lesnická univerzita.

INFORMAČNÍ SYSTÉM ÚMLUVY O BIOLOGICKÉ ROZMANITOSTI.
In: *Strategie ochrany biodiverzity České republiky* [online]. 2005 [cit. 2014-11-24].

Dostupné z:

<http://chm.nature.cz/strategicke-dokumenty/strategie-ochrany-biodiverzity-ceske-republiky/>

INFORMAČNÍ SYSTÉM ÚMLUVY O BIOLOGICKÉ ROZMANITOSTI 2:
Úmluva o biologické rozmanitosti [online]. 1994 [cit. 2014-11-22].

Dostupné z:

<http://chm.nature.cz/umluva-o-biologicke-rozmanitosti-cbd/o-umluve-cbd/#clanek-1cile>

JAKRLOVÁ, Jana a Jaroslav PELIKÁN. *Ekologický slovník terminologický a výkladový*. 1. vyd. Praha: Fortuna, 1999, 144 s. ISBN 80-716-8644-1.

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

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

KRATOCHVÍL, Jaroslav. Není nad přeštické prase. In: *Agrární komora České republiky* [online]. 2014 [cit. 2014-11-25]. Dostupné z: <http://www.agrocr.cz/neni-nad-presticke-prase.php>

MUZIKÁŘOVÁ, Zuzana. *Kulturní historie prasete domácího*. Brno, 2011. Diplomová práce. Masarykova Univerzita.

NÁRODNÍ PROGRAM. *Genetické zdroje* [online]. 1994 [cit. 2014-11-24]. Dostupné z:

http://genetickezdroje.cz/index.php?p=narodni_program_uvod&site=default

NÁRODNÍ PROGRAM 2. *Genetické zdroje* [online]. 2014 [cit. 2014-11-22].

Dostupné z:

http://www.genetickezdroje.cz/sites/File/dokumenty/VZ_2013.pdf

NÁRODNÍ PROGRAM (3) KONZERVACE A VYUŽÍVÁNÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ ROSTLIN, ZVÍŘAT A MIKROORGANISMŮ VÝZNAMNÝCH PRO VÝŽIVU A ZEMĚDĚLSTVÍ NA OBDOBÍ 2012 – 2016 [online]. *Výzkumný ústav živočišné výroby*. 2012 [cit. 2014-11-24].

Dostupné z:

http://genbank.vurv.cz/genetic/nar_prog/Dokumenty/NPGZ_12_16.pdf

NUSSBAUM, Robert L, Roderick R MCINNES, Huntington F WILLARD, James THOMPSON a Margaret Wilson THOMPSON. *Klinická genetika: Thompson*. Vyd. 1. Překlad Petr Goetz. Praha: Triton, 2004, 426, lix s. ISBN 80-725-4475-6.

O PŘEŠTICKÉM PRASETI. *Přeštické černostrakaté prase* [online]. 2014 [cit. 2014-11-25].

Dostupné z:

<http://www.prestici.websnadno.cz/O-prestickem-praseti.html>

PLEMENA PRASAT: PRASE PÁSKOVANÉ. *ČZU Katedra speciální zootechniky*. [online]. 2000 [cit. 2014-11-23].

Dostupné z:

<http://katedry.czu.cz/ksz/plemena-prasat/>

PRIMACK, Richard B a Irena VRTKOVÁ. *Biologické principy ochrany přírody*. Praha: Portál, 2001, 349 s. ISBN 80-717-8552-0.

PORÁŽKY HOSPODÁŘSKÝCH ZVÍŘAT. *Český statistický úřad* [online]. 2012 [cit. 2014-11-24].

Dostupné z:

http://www.czso.cz/xb/redakce.nsf/i/porazky_hospodarskych_zvirat_v_roce_2012

PULKRÁBEK, Jan. *Chov prasat*. 1. vyd. Praha, c2005, 160 s. ISBN 80-867-2611-8.

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

RIDLEY, Mark. *Evolution*. 1st pub. Boston: Blackwell Scientific, 1993, viii, 670 s. ISBN 08-654-2226-5.

ROTH, Petr a Jan PLESNÍK. *Biologická rozmanitost na Zemi: stav a perspektivy*. 1. vyd. Praha: Scientia, 2004, 261 s. ISBN 80-718-3331-2.

ROTHSCHILD, Max Frederick a Anatoly RUVINSKY. *The genetics of the pig*. 2nd ed. Wallingford, Oxfordshire, UK: CABI, 2011, x, 507 p. ISBN 978-184-5937-560.

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

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

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

ŘEHOUT, Václav, Barbora BLÁHOVÁ a ČÍTEK. *Základy genetiky a poradenství*. In: *JČU - zdravotně sociální fakulta* [online]. 2003 [cit. 2014-11-24].

Dostupné z:

http://old.zsf.jcu.cz/structure/departments/kkl/ucebni_texty/zaklady-genetiky-a-poradenstvi/

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

SEKAL, Ladislav. *Testování mikrosatelitu v genu pro visfatin a jeho asociace k užitkovým vlastnostem u prasete přeštické černostrakaté*. Brno, 2010. Diplomová práce. Mendelova univerzita.

SNUSTAD, D a Michael J SIMMONS. *Genetika*. Vyd. 1. Překlad Jiřina Relichová. Brno: Masarykova univerzita, 2009, xxi, 871 s. ISBN 978-802-1048-522.

STUPKA, Roman, Michal ŠPRYSL a Jaroslav ČÍTEK. *Základy chovu prasat*. 1. vyd. Praha: Powerprint, 2009, 180 s. ISBN 978-80-904011-2-9.

ŠARAPATKA, Bořivoj. *Agroekologie: východiska pro udržitelné zemědělské hospodaření*. Olomouc: Bioinstitut, 2010, 440 s. ISBN 978-808-7371-107.

ŠPAČEK, František. *Atlas plemen hospodářských zvířat*. Praha: Státní zemědělské nakladatelství, 1987. ISBN 07-104-87.

THE CONVENTION. *Convention on biological diversity* [online]. [cit. 2014-11-22]. Dostupné z:

<http://www.cbd.int/convention/articles/default.shtml?a=cbd-02>

TOWNSEND, Colin R, Michael BEGON a John L HARPER. *Základy ekologie*. 1. české vyd. Olomouc: Univerzita Palackého v Olomouci, 2010, xii, 505 s. ISBN 978-802-4424-781.

URBAN, Jiří a Bořivoj ŠARAPATKA. *Ekologické zemědělství: učebnice pro školy i praxi*. 1. vyd. Praha: Ministerstvo životního prostředí ČR, 2003, 280 s. ISBN 80-721-2274-6.

VALÁŠKOVÁ, Iveta a Jitka KADLECOVÁ. *Využití mikrosatelitní DNA v molekulární diagnostice*. In: *Fakultní nemocnice - oddělení lékařské diagnostiky* [online]. 2009 [cit. 2014-11-26].

Dostupné z:

http://www.immunotech.cz/news/DNAVII/1_den/Blok_II/4_mikrosatelity.pdf

VÁCLAVKOVÁ, Eva, Miroslav ROZKOT a Anne DOSTÁLOVÁ. *Přeštické černostrakaté prase: živé dědictví po předcích*. Praha: Výzkumný ústav živočišné výroby, 2012, 65 s. ISBN 978-80-7403-106-9.

VLACHOVÁ, Lenka. *Mutace STR lokusů a jejich vliv na interpretaci DNA analýz ve forenzní genetice*. Brno, 2010. Bakalářská práce. Masarykova univerzita.

WHITTAKER, R. H. *Evolution and Measurement of Species Diversity*. *Taxon*. 1972, vol. 21, 2/3. DOI: 10.2307/1218190.

ZÁKON: *O šlechtění, plemenitbě a evidenci hospodářských zvířat a o změně některých souvisejících zákonů (plemenářský zákon)*. In: 154/2000 Sb. 2000. Dostupné z: <http://www.senat.cz/xqw/webdav/pssenat/original/2809/2809>

ZIMA, Jan, MUCLINGER. Genetické metody v zoologii. In: *Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy* [online]. Praha, 2004 [cit. 2014-11-23].

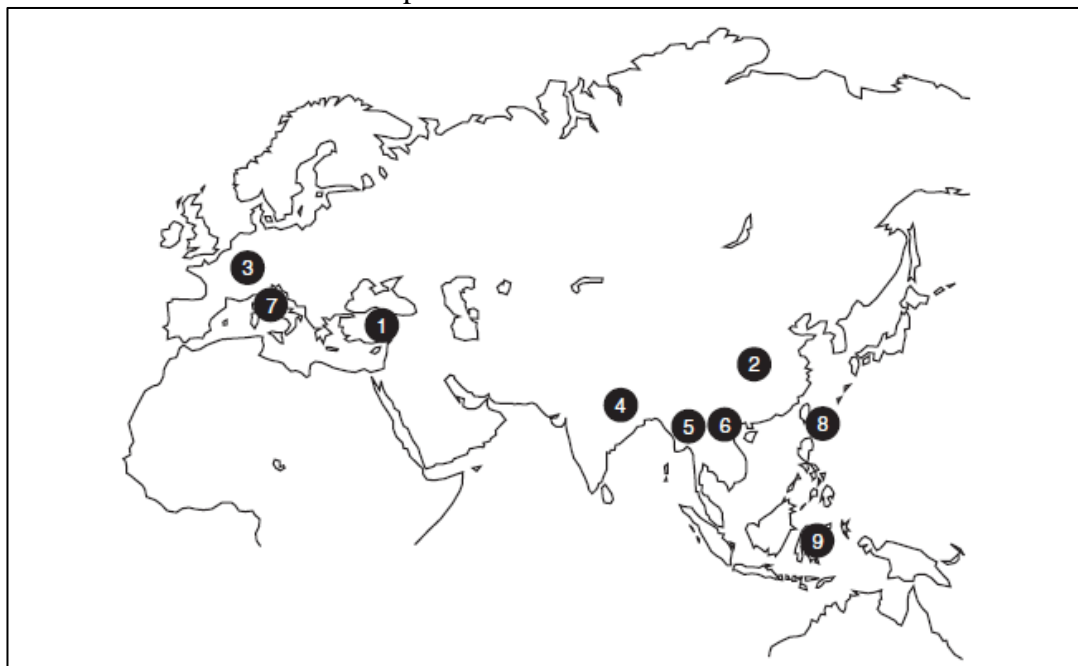
Dostupné z:

<https://web.natur.cuni.cz/~muncling/TEXTY.htm>

5.

Přílohy

Obr. č. 1: Oblasti domestikace prasete



1. Východní Anatólie, 2. Čína, 3. Evropa, 4. Jižní Asie, 5. poloostrov Jihovýchodní Asie, 6. provincie Yunnan, Severní Vietnam, severní Laos, 7. Itálie, 8. Tchaj-wan, 9. Sulawesi

Obr. č. 2: Česká landrase



(<http://web2.mendelu.cz>)

Obr. Č. 3: Belgická landrase



(www.premianti.cz)

Obr. č. 4: České bílé ušlechtilé



(<http://web2.mendelu.cz>)

Obr. Č. 5: Bílé otcovské



(<http://web2.mendelu.cz>)

Obr. č. 6: České výrazně masné



(<http://web2.mendelu.cz>)

Obr. Č. 7: Pietrain



(<http://web2.mendelu.cz>)

Obr. Č. 8: Hampshire



(<http://web2.mendelu.cz>)

Obr. Č. 9: Duroc



(<http://italian.alibaba.com>)

Obr. č. 11: Přeštické černostrakaté



(www.zootechnika.cz)