



Fakulta zemědělská
a technologická
Faculty of Agriculture
and Technology

Jihočeská univerzita
v Českých Budějovicích
University of South Bohemia
in České Budějovice

JIHOČESKÁ UNIVERZITA V ČESKÝCH BUDĚJOVICÍCH

FAKULTA ZEMĚDĚLSKÁ A TECHNOLOGICKÁ

Katedra genetiky a speciální rostlinné produkce

Bakalářská práce

Dědičnost bezrohosti u skotu
Heredity of polledness in cattle

Autor(ka) práce: Kateřina Hegrová, DiS.

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

Konzultant práce: Ing. Michaela Brzáková, Ph.D.

České Budějovice 2022

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem autorem této kvalifikační práce a že jsem ji vypracovala pouze s použitím pramenů a literatury uvedených v seznamu použitých zdrojů. Dále prohlašuji, že jsem autorem všech tabulek a obrázků použitých v práci.

V Českých Budějovicích dne

Podpis

Abstrakt

Většina plemen skotu byla původně přirozeně rohatá. Rohy sloužily jako nástroj obrany a projev dominance ve stádě. S rostoucím tlakem na zvýšení efektivity chovů a zvýšení bezpečnosti, jak zvěřat, tak ošetřovatelů, je přistupováno u rohatého skotu k odrohování. Toto však není v souladu s welfare požadavky. V roce 2009 byl sekvenován kompletní genom skotu, což nastartovalo serii výzkumů i v oblasti dědičnosti rohatosti. Genetické projevy bezrohosti či rohatosti jsou kontrolovány autosomálním lokusem *polled*, umístěným na 1. chromozomovém páru BTA1, charakterizovaným dvěma alelami, pro dominantní projev bezrohosti alela *P*, a pro rohatost recesivní alelou *p*. U skotu se setkáváme se 4 mutacemi těchto alel – keltskou, frýskou, mongolskou a guarani. Projevy rohatosti jsou ovlivňovány i alelami pro přítomnost volných rohů S_c a s_c , či alelami pro projev tzv. Afrických rohů A^f a A^n . Díky testování jedinců pomocí mikrosatelitových markerů či pomocí metody SNP je možné označovat geneticky bezrohé jedince a tím napomáhat chovatelům k rozšiřování bezrohých chovů.

Klíčová slova: bezrohost, rohatost, dědičnost, skot, rohy

Abstract

Most cattle breeds were originally naturally horned. The horns were used as a tool of defense and a manifestation of dominance in the herd. With increasing pressure to increase the efficiency of breeding and increase the safety of both animals and caregivers, horned cattle are being dehorned. However, this does not correspond with welfare requirements. In 2009, the complete genome of cattle was sequenced, which started a series of researches in the field of heredity. Genetic manifestations of horns or polledness are controlled by the autosomal locus *polled*, located on chromosome pair BTA1, characterized by two alleles, for the dominant *P* allele representing polledness, and for the recessive allele *p* for horns. In cattle we encounter 4 mutations of these alleles Celtic, Frisian, Mongolian and Guarany. Manifestations of polledness are also influenced by alleles for the presence of scurrs S_c and s_c , or alleles for the manifestation of the so-called African horns A^f and A^n . Thanks to the testing of individuals using microsatellite markers or the SNP method, it is possible to mark genetically polled individuals and thus help breeders to expand hornless breeds.

Keywords: Polledness, horned, horns, cattle, heredity

Poděkování

Ráda bych poděkovala všem, kteří mi pomohli v realizaci bakalářské práce. Zejména děkuji vedoucímu práce panu prof. Ing. Jindřichu Čítkovi, Csc. Poděkování patří také mé rodině a přátelům, kteří mi byli podporou po celou dobu mého studia.

Obsah

1	Úvod.....	7
2	Cíl práce	8
3	Literární přehled.....	9
3.1	Genetika jako věda	9
3.2	Základní genetické pojmy	10
3.3	Genom skotu.....	11
3.4	Rohatost.....	12
3.5	Metody použité pro výzkum bezrohosti	14
4	Dědičnost bezrohosti	15
4.1	Dědičnost všeobecně	15
4.2	Genotypové projevy rohatosti	17
4.3	Fenotypové projevy rohatosti	20
4.4	Pravé rohy.....	21
4.5	Odrohování	22
5	Chov skotu v ČR.....	23
6	Významná bezrohá plemena skotu chovaná v ČR.....	24
6.1	Aberdeen angus	24
6.2	Galloway	25
7	Plemena skotu chovaná v rohaté i bezrohé formě v ČR	26
7.1	Charolais.....	26
7.2	Hereford.....	26
7.3	Limousin.....	27
7.4	Belgické modrobílé	28
7.5	Holštýnský skot	29
7.6	Jerseyský skot.....	29

8	Nová-kompozitní plemena	31
8.1	RedyBlack	31
8.2	Uckermärker	31
9	Metody testování na bezrohost v ČR	33
10	Závěr	34
11	Použité zdroje.....	35
	Seznam tabulek	39
	Seznam obrázků	40
	Seznam použitých zkratk.....	41

1 Úvod

Stejně jako většina domestikovaných zvířat je Tur domácí (*Bos Taurus*) rozšířen téměř po celém světě. Původní předci dnešního skotu pocházeli ze severní Afriky, Evropy a jižní Asie.

Chov skotu se stal nedílnou součástí hospodářské výroby. Plemena skotu rozdělujeme dle užitkovosti na dojná, masná a kombinovaná. Stejně tak jako chovy dělíme na intenzivní a extenzivní (pasevní).

Ačkoliv člověk chová hospodářská zvířata k různým účelům odpradáвна, společnost se o etiku chovu intenzivněji zajímá prakticky posledních 30 let, kdy se rozvíjí živá diskuse o etickém hledisku zacházení se zvířaty. Hnutí na ochranu zvířat se nejčastěji zabývá otázkou, zda zvířata mají tzv. "morální status", či morální hodnotu a jestli ano, o jaký druh "společenského postavení jde, jaká je vnitřní hodnota zvířete" (INTRINSIC VALUE). Tato myšlenka vychází z předpokladu, že zvířata žijí s relativně vysokým stupněm nezávislosti se specifickými zájmy, které mohou být člověkem narušeny. Při uznání této vnitřní hodnoty zvířete, která tkví v podstatě "bytí" zvířete, je potom morálně nepřijatelné považovat zvíře toliko za předmět. V praxi to znamená, že politika ochrany zvířat by se měla zaměřit na ty druhy lidské činnosti, které mohou nepříznivě ovlivnit fyzickou a etologickou pohodu zvířat. Člověk by vědomě neměl zvířatům způsobovat bolest (Louda, 1995).

Právě fyzická a etologická pohoda zvířat, ekonomika chovů a bezpečnost práce ruku v ruce souvisí s nutností řešit otázku rohů u skotu. Mnoho chovatelů skotu bere rohy jako přirozený jev, jiní ve snaze zajištění bezpečí zvířat i ošetřovatelů přistupují k různým metodám odrohování. Pak se ale také setkáváme s chovateli, kteří by rádi vyřešili otázku rohů přirozenou cestou a zabývají se právě dědičností rohatosti a zavádějí ve svých chovech bezrohé linie.

2 Cíl práce

Cílem této bakalářské práce je zpracování literárního přehledu týkajícího se výzkumu dědičnosti bezrohosti u skotu.

Literární rešerše obsahuje vysvětlení základních genetických pojmů. Popisuje historii výzkumu genomu skotu a zkoumání rohatosti. Dále se zabývá problematikou dědičnosti u skotu.

V práci je popsána i problematika rohatosti, resp. odrohování skotu z hlediska welfare a možné využití poznatků o dědičnosti bezrohosti v současných chovech.

3 Literární přehled

3.1 Genetika jako věda

Genetika je přírodní věda, která zkoumá zákonitosti dědičnosti všech živých organismů a také jejich proměnlivosti. Tato věda zkoumá variabilitu, rozdílnost a přenos druhových a dědičných znaků mezi rodiči a potomky i mezi potomky navzájem. Díky genetice můžeme detailně popsat každý živý organismus. Genetická informace určuje budoucí anatomickou stavbu organismu, určuje, jaké látky budou účastníky biochemických a fyziologických procesů v organismu a v neposlední řadě je nepostradatelnou součástí pohlavního i nepohlavního rozmnožování. Poznatky genetiky jsou velmi důležité pro celou řadu přírodovědných oborů, například evoluční biologii, antropologii, mikrobiologii a mnoho dalších. Za zakladatele genetiky je považován Johann Gregor Mendel (1822–1884), který dal za vznik klasické genetiky. Mendelovy zákony a mezialelární vztahy patří k základům a dodnes mají své využití třeba i v medicíně u sledování monogenně dědičných onemocnění. Ve své době nebyl jeho objev nijak uznávaný, avšak napočátku 20. století dochází k potvrzení pravdivosti Mendelových zjištění. To je spojeno se jmény holandského profesora Huga de Vriese (1848–1935), rakouského profesora Ericha Tschermaka von Seysenegg (1871–1962) a profesora Carla Corrense (1863–1933). Mezi další významné vědce patří anglický profesor William Bateson (1861–1926), který jako první použil termín genetika (1906), heterozygot a homozygot. Dán Wilhelm Johannsen (1857–1927) zase jako první zavádí pojmy gen, genotyp a fenotyp. Přelomovým bodem bylo objevení DNA jako nositelky genetické informace v roce 1944 O. T. Awerym a jeho týmem. Další poznatky ohledně komplementarity bází přinesl Erwin Chargaff. Na jejich práci navazují James D. Watson a Francis H. Crick, kteří onoho památného roku 1953 předložili strukturní model dvoušroubovice DNA. Významným dílem k tomuto objevu přispěly i RTG studie DNA Maurice H. F. Wilkinse a Rosalindy Franklinové. Roku 1962 se Watson, Crick a Wilkins dočkali Nobelovy ceny. Crick se dále věnoval proteosyntéze a genetickému kódu. Zanedlouho je potvrzen tripletový genetický kód. Japonec Reiji Okazaki (1930–1974) osvětluje diskontinuální syntézu opožděného řetězce při replikaci DNA. Roku 1966 jsou k jednotlivým tripletům přiřazeny aminokyseliny, které kódují. Objev moderních sekvenovacích principů umožnil sekvenování genomů jednoduchých organismů (1965 - genom kvasinky), s rozvíjejícím se technickým pokrokem bylo možné

sekvenovat stále větší genomy, což vyvrcholilo sekvenováním lidského genomu (draft roku 2001, kompletní sekvence roku 2003). (Šípek, 2010)

3.2 Základní genetické pojmy

Jak již bylo zmíněno výše, DNA je považována za nositelku genetické informace, jedná se o deoxyribonukleovou kyselinu, která je uložena v jádrech somatických buněk a také malá část je uložena v mitochondriích. DNA je složena ze 4 chemických bází-adenin (A), cytosin (C), guanin (G), a thymin (T), DNA člověka i skotu obsahuje cca 3 billiony těchto bází. Každá báze je spojena s molekulou cukru a fosfátu. Takovému spojení říkáme nukleotid. Nukleotidy jsou spojeny do řetězců, které nazýváme dvojité šroubovice. Bazické páry procházejí jejím středem a po stranách této šroubovice jsou molekuly cukru a fosfátu. (Genetic Alliance, 2009) Komplexem DNA spolu s proteiny jsou tvořeny chromozomy. Chromozom je podlouhlý objekt se dvěma rameny, mezi nimiž je ztenčená oblast – centromera. Koncová část ramen se potom označuje jako telomera. Ramena často nebývají stejně dlouhá – proto na chromozomu (podle polohy centromery) rozlišujeme krátké rameno (p rameno) a dlouhé rameno (q rameno). V metafázi je chromozom tvořen dvěma chromatidami, spojenými v oblasti centromery. Podle uložení dělíme na chromozomy: na telocentrické (pouze s 1 ramenem), metacentrické (s přibližně stejně dlouhými rameny), submetacentrické (jedno raménko je mírně kratší), akrocentrické (jedno raménko je extrémně kratší). Dále se chromozomy dělí na chromozomy somatické (autozomy, které tvoří homologní (shodné) páry a jejich přítomnost není specifická pro určité pohlaví, a dále na chromozomy pohlavní (gonozomy), které určují pohlaví jedince a jsou heterologní (liší se svou stavbou). Přičemž pohlavní chromozomy označujeme písmeny X a Y. (Šípek, 2010)

V chromozomech jsou uloženy geny. Jsou základní funkční a strukturální jednotkou dědičnosti. Jedná se o velmi krátké úseky na řetězci DNA, podle kterých vzniká jedna nebo více bílkovin. Soubor genů se nazývá genom. (Genetic Alliance, 2009)

Gen je specificky uložená jednotka dědičné informace. Z molekulárního hlediska jde o úsek nukleové kyseliny se specifickým pořadím nukleotidů, které podmiňuje strukturu a funkci genového produktu. Do jeho struktury patří i regulační sekvence, jako je promotor nebo terminátor, které jsou rozeznávány polymerasami a umožňují tak správné a ohraničené zpracování dědičné informace nesené konkrétním genem. Geny

jsou uloženy na chromozomech za sebou – ve specifickém a neměnném pořadí. Každý gen tak má své unikátní místo na určitém chromozomu a na jeho určité části – toto místo označujeme jako genový lokus. V diploidní buňce existují pro jeden gen 2 alely, tedy konkrétní formy genu. Tyto formy rozdělujeme dle fenotypových projevů na dominantní a recesivní. Pokud se u jedince nacházejí stejné alely pro daný gen – je takový jedinec označený jako homozygot. Pokud jsou tyto alely různé – označuje se tento jedinec jako heterozygot (Šípek, 2010)

3.3 Genom skotu

Genom je souhrn veškeré genetické informace organismu. Genom všech savců je složen jak z genů, které mají kódující funkce, tak z anonymních nekódujících DNA Sekvencí. Převážnou část genomu hospodářských zvířat zaujímají nekódující sekvence DNA, až kolem 95 %. Zbývajících 5 % genomu je tvořeno strukturními geny, které nesou genetickou informaci pro syntézu polypeptidových řetězců. U savců se jejich počet odhaduje na 100 000 v závislosti na velikosti genomu daného druhu. Každý gen nebo anonymní nekódující sekvence má na chromozomu specifické místo, tzv. lokus. (Gazdová, 2007)

Jen 7 let od rozluštění kompletního lidského genomu byl v roce 2009 sekvenován kompletní genom skotu. Genom skotu je jedním z nejvíce prozkoumaných genomů, hned po člověku, myši a potkanovi. (Gazdová, 2007). Genom skotu je složen z 60 diploidních chromozomů, uspořádaných v jádru každé buňky, tedy 29 párů autozomů a 1 páru pohlavních chromozomů – gonozomů. Jedinec dědí vždy jednu sadu chromozomů od matky a jednu sadu od otce. Autozomy skotu jsou akrocentrické a pohlavní chromozomy X a Y jsou metacentrické. Délka genomu skotu byla bez ohledu na pohlaví stanovena na 3 532 cM. (Barendse, et al., 1994)

Genom zahrnuje cca 22 000 genů a 2 857 605 195 bazických párů z toho 2 612 820 646 je umístěno na některém z 30 chromozomů, zbývajících báze jsou obsaženy v neumístěných souvislých sekvencích (Zimin, et al., 2009).

Kódujících genů je 19 994, genů nekódujících 3 825, malých nekódujících genů 3 650, různých nekódujících genů 175, pseudogenů 797 a 26 740 genových transkriptů.

3.4 Rohatost

Rohatost byla již historicky pozorována dle fenotypových projevů. Dědičnost rohů, bezrohosti či falešných rohů je zkoumána již od počátku 20. století (Aldersey, et al., 2020).

Genetické projevy bezrohosti či rohatosti jsou kontrolovány autosomálním lokusem *polled*, charakterizovaným dvěma alelami, pro dominantní projev bezrohosti alela *P*, a pro rohatost recesivní alelou *p*. V roce 1993, kdy byla poprvé zmapována pozice bezrohosti (*Poll*) na chromozómovém páru č. 1- označovaném BTA1 (Bos Taurus autosome 1). v těsné blízkosti centromery pomocí tří plemen skotu (*Bos taurus*): hereford x shorthorn, south devon a saler. Kvůli nízkému rozlišení a omezenému počtu použitých markerů nebylo možné určit přesnou polohu tohoto lokusu vzhledem k přidruženým mikrosatelitním markerům (1993) (Grobler, et al., 2021) Pozice byla potvrzena i u plemene Charolais v roce 1995 (Schmutz, et al., 1995) a u plemen simental a pinzgavský skot v roce 1997 (Harlizius, et al., 1997). Bylo však zapotřebí přesnější umístění a další vysoce polymorfní markery v těsné blízkosti lokusu *polled*, aby se umožnila selekce pomocí markerů (MAS) pro dotazovaný znak u různých plemen. (Grobler, et al., 2021)

Přesné mapování provedené Drögemüllerem a kol. (2005 a, 2005 b) u šesti německých plemen skotu umožnilo fyzické uspořádání mikrosatelitních markerů z různých dostupných vazebných map skotu, které spojovaly *polled* oblast s dotazovaným fenotypem. Tito autoři zúžili kritickou oblast pro lokus *polled* na 1 – Mb segment (cca 1,36 Mb: 0,661 – 2,025 Mb UMD3.1) blízko centromery BTA1 (Drögemüller, et al., 2005). Toto umístění bylo potvrzeno Wunderlichem et al. (2006), který zkonstruoval větší 2,5 Mb kontig překlenující interval *polled* na BTA1, pomocí BAC klonů z rohatých a bezrohých plemen. (Wunderlich, et al., 2006)

I když byla genomová oblast pro lokus *polled* zúžena a od prvního zmapování lokusu *polled* v roce 1993 byly učiněny různé pokroky v molekulárních technologiích, ukázalo se, že charakteristika a identifikace kauzativních mutací je obtížnější, než se očekávalo. Mezi hlavní omezení patřila obtížnost identifikace funkčních kandidátních genů srovnávacím mapováním s člověkem nebo myši kvůli nedostatku podobného fenotypu (tj. rohaté modelové druhy); nedostatek funkčních nebo pozičních kandidátních genů v lokalizované genomové oblasti lokusu *polled*; možná alelická heterogenita fenotypu mezi různými zkoumanými plemeny kvůli historii chovu skotu a variacemi

v genech, které byly rozdílně prokázány mezi rohatými a bezrohými telaty (Medugorac, et al., 2012)

Jak již bylo zmíněno výše, prozkoumání bovinního genomu v roce 2009 vedlo k dalšímu rozvoji zkoumání rohatosti u jednotlivých plemen skotu. V roce 2012 bylo upřesněn lokus *polled* na 381kb segment na BTA1. Tento výzkum byl proveden na plemenech galloway, angus, fleckvieh a holštýn a několika bezrohých jedincích plemen blonde d'Aquitaine, charolais, hereford, jersey a limousin. Jako kontrolní skupina byli použiti rohatí jedinci plemen belgické modré, fleckvieh, holštýn, frýský skot, Illyrian Buša. (Seichter, et al., 2012)

Během let 2012–2018 byla postupně prokázána existence čtyř různých alel bezrohosti, dle původu skotu. Jedná se o alelu Keltskou (P_c), Frískou (P_f) (Medugorac, et al., 2012), alelu Mongolskou (P_m) (Medugorac, et al., 2017) a alelu Guarani (P_g) (Utsunomiya, et al., 2019). Alela P_c a P_f jsou nejčastěji se objevujícími se mutacemi u většiny plemen, která byla prozkoumána. (Randhawa, et al., 2020) Keltská mutace se projevuje hlavně u masných plemen- aberdeen angus, galloway, limousine a charolais , zatímco u dojných plemen se nejčastěji objevuje mutace Fríská. (Ketel & Asai-Coakwell, 2020)

Rohatost dále ovlivňuje lokus pro velikost rohů – alela H pro velké rohy a alela h pro malé rohy. (Dvořák, 2006)

Dalším projevem rohatosti jsou tzv. falešné rohy (anglicky Scurrs) s alelou S_c pro přítomnost falešných rohů a s_c recesivní alelu podmiňující nepřítomnost falešných rohů. Falešné (někdy také volné) rohy se vyvíjejí jako malé rohovité výrůstky ve stejné oblasti jako rohy, ale nejbývají pevně spojeny s lebkou. Mohou se různit ve velikosti i tvaru. (Capitan, et al., 2009) Lokus falešných (volných) rohů byl poprvé mapován na 19 chromozomu (BTA19) pomocí mikrostelitových markerů u kanadského skotu (Asai, et al., 2004), původní domněnka byla, že dědičnost volných rohů je vázána na pohlaví, ale výzkum Capitan, et al (2009) provedený na francouzských charolais, prokázal, že volné rohy jsou vázány na autozom BTA19 s dominantní alelou S_c pro obě pohlaví. Pozdější výzkum ukázal další možnou formu falešných rohů projevující se abnormálně špičatým kuželovitým tvarem lebky a nadměrným kostnatěním podél interfrontálního lebečního švu – geny pro tyto falešné rohy typu 2 byly lokalizovány na chromozomu BTA4. (Capitan, et al., 2011)

U některých plemen se můžeme setkat také s tzv. Africkými rohy (alely H_a a h_a někdy také A^f a A^n). Lokus afrických rohů je epistatický vůči lokusu bezrohosti, ale i zde se

na fenotypu podílí pohlaví zvířete stejně jako u nepravých rohů. (Brenneman, et al., 1996)

3.5 Metody použité pro výzkum bezrohosti

Pro zkoumání bezrohosti vědci využívají metodu PCR- Polymerázovou řetězovou reakci. Je to laboratorní technika používaná k amplifikaci sekvencí DNA. Metoda zahrnuje použití krátkých sekvencí DNA nazývaných primery k výběru části genomu, která má být amplifikována. Teplota vzorku se opakovaně zvyšuje a snižuje, aby se enzymu replikace DNA pomohlo zkopírovat cílovou sekvenci DNA. Tato technika dokáže vytvořit miliardu kopií cílové sekvence během několika hodin. (NCBI, 2017) Tuto metodu ve svém výzkumu použil např (Capitan, et al., 2009), který jako markery použil 11 mikrosatelitů mezi nimiž byl např. BMS1920, CSSME070, BMS2142, IDVGA46, DIK4306, BMS2503, DIK5224.

Za pomoci primerových sekvencí byl rozpoznán genotyp keltské a frýské mutace u jedinců s volnými rohy (Medugorac, et al., 2012).

(Randhawa, et al., 2020) použil ve svém výzkumu extrakci DNA, PCR metodu, DNA sekvenování a také genotypování za pomoci 10 jednonukleotidových polymorfismů (SNP) pro prokázání keltské a frýské mutace u skotu.

4 Dědičnost bezrohosti

4.1 Dědičnost všeobecně

Dědičnost je unikátní schopnost živých organismů, díky které si mohou předávat z generace na generaci určité znaky, vlohy a schopnosti. Dědičnost jednotlivých znaků zprostředkovávají geny a jejich konkrétní formy – alely. Existuje několik různých typů dědičnosti, z nichž některé jsou dokonce vázané na pohlaví. Přenos z generace na generaci označujeme jako vertikální přenos dědičné informace (shora dolů – jak můžeme pozorovat v rodokmenu). Základní zákony dědičnosti byly formulovány J. G. Mendelem již v 19. století. (Šípek, 2010)

Autozomální dědičnost se týká dědičných znaků uložených na autozomech. V klasickém pojetí, které je nazýváno Mendelovská dědičnost, uvažujeme právě tuto dědičnost, bez ohledu na genovou vazbu. U každého diploidního potomka se alelární pár skládá z jedné alely otcovské a jedné alely mateřské. Přenos alel na potomky podléhá základním pravidlům kombinatoriky. Jako první vyřešil tuto problematiku právě Mendel. Od něj taktéž pochází kombinační (Mendelovské) čtverce. Jeho poznatky shrnují 3 Mendelovy zákony:

1. Mendelův zákon

Zákon o uniformitě F1 (1. filiální = první generace potomků) generace. Při vzájemném křížení 2 homozygotů vznikají potomci genotypově i fenotypově jednotní. Pokud jde o 2 různé homozygoty, jsou potomci vždy heterozygotními hybridy.

Při křížení dvou homozygotů (dominantního – AA a recesivního – aa) vzniká jednotná generace potomků – heterozygotů se stejným genotypem (Aa) i fenotypem.

	A	A
a	Aa	Aa
a	Aa	Aa

Tabulka 1 1. Mendelův zákon dědičnosti

2. Mendelův zákon

Zákon o náhodné segregaci genů do gamet. Při křížení 2 heterozygotů může být potomkovi předána každá ze dvou alel (dominantní i recesivní) se stejnou pravděpodob-

ností. Dochází tedy ke genotypovému a tím pádem i fenotypovému štěpení = segregaci. Pravděpodobnost pro potomka je tedy 25% (homozygotně dominantní jedinec) : 50% (heterozygot) : 25% (homozygotně recesivní jedinec). Tudiž genotypový štěpný poměr 1:2:1. Fenotypový štěpný poměr je 3:1, pokud je mezi alelami vztah kodominance, odpovídá fenotypový štěpný poměr štěpnému poměru genotypovému (tj. 1:2:1).

	<i>A</i>	<i>a</i>
<i>A</i>	<i>AA</i>	<i>Aa</i>
<i>a</i>	<i>Aa</i>	<i>aa</i>

Tabulka 2 2. Mendelův zákon dědičnosti

Obrázek představuje kombinační čtverec, znázorňující křížení dvou heterozygotů. Genotypový štěpný poměr je 1:2:1, fenotypový štěpný poměr je 3:1 při úplné dominanci nebo 1:2:1 při neúplné dominanci.

3. Mendelův zákon

Zákon o nezávislé kombinovatelnosti alel. Při zkoumání 2 alel současně dochází k téže pravidelné segregaci. Máme-li 2 dihybridy *AaBb* může každý tvořit 4 různé gamety (*AB*, *Ab*, *aB*, *ab*). Při vzájemném křížení tedy z těchto 2 gamet vzniká 16 různých zygotických kombinací. Některé kombinace se ovšem opakují, takže nakonec vzniká pouze 9 různých genotypů (poměr 1:2:1:2:4:2:1:2:1). Nabízí se nám pouze 4 možné fenotypové projevy (dominantní v obou znacích-*AABB*, *AaBb*, *AaBB*, v 1. dominantní a v 2. recesivní-*AAbb*, *Aabb*, v 1. recesivní a v 2. dominantní-*aaBB*,*aaBb*, v obou recesivní-*aabb*). Fenotypový štěpný poměr je 9:3:3:1. Tento zákon platí pouze v případě, že sledované geny se nachází na různých chromozomech, nebo je jejich genová vazba natolik slabá, že nebrání jejich volné kombinovatelnosti.

	<i>AB</i>	<i>Ab</i>	<i>aB</i>	<i>ab</i>
<i>AB</i>	<i>AABB</i>	<i>AABb</i>	<i>AaBB</i>	<i>AaBb</i>
<i>Ab</i>	<i>AABb</i>	<i>AAbb</i>	<i>AaBb</i>	<i>Aabb</i>
<i>aB</i>	<i>AaBB</i>	<i>AaBb</i>	<i>aaBB</i>	<i>aaBb</i>
<i>ab</i>	<i>AaBb</i>	<i>Aabb</i>	<i>aaBb</i>	<i>aabb</i>

Tabulka 3 3. Mendelův zákon dědičnosti

4.2 Genotypové projevy rohatosti

Přítomnost či nepřítomnost rohů je geneticky dána a je řízena třemi lokusy, mezi nimiž existuje určitá nadřazenost-epistáze. Na přítomnost či nepřítomnost rohů se podílí lokus bezrohosti (*polled*), který má dvě alely. Dominantní alela *P* pro bezrohost a recesivní alela *p* pro rohatost. (Dvořák, 2006) Nesmíme zapomenout na různé mutace těchto alel, které se objevují u jednotlivých plemen s ohledem na jejich zeměpisný původ. Mluvíme tedy o alele keltské (P_c, p_c), fríské (P_f, p_f), mongolské (P_m, p_m) a guaranské (P_g, p_g).

Keltská varianta P_c byla jako první identifikována u několika evropských plemen skotu s původem v keltské zeměpisné oblasti. Tvoří ji duplikace o 80 128 bazích. Při křížení rohatých samic holštýnského skotu s býky s upraveným genem, byla právě keltská mutace funkčně zodpovědná za bezrohost potomků. (Aldersey, et al., 2020)

Frýská varianta byla rozlišena u holštýnsko frýského skotu. Zdvojený segment je lokalizován hned za původní sekvencí se stejnou orientací a tvoří ho duplikace o 80 128 bazích. Od referenční sekvence se liší pouze jednou záměnou T->A na třetí pozici a 2bp deletací (TG) na 45. pozici. Tato mutace se neobjevuje spolu s keltskou mutací. (Aldersey, et al., 2020)

Mongolská mutace se vyskytuje u yaků a Guarani mutace se objevuje u nellorského skotu v Brazílii. (Aldersey, et al., 2020)

Dále rohatost ovlivňuje lokus pro velikost rohů – alela *H* pro velké rohy a alela *h* pro malé rohy. Zvláštním typem rohů jsou falešné rohy, nazývané také jako volné rohy nebo z angličtiny *scurrs*, s dominantní alelou S_c a recesivní alelou s_c pro nepřítomnost volných rohů (Dvořák, 2006).

Každý jedinec nese dvě kopie daného genu, které zdědil po svých rodičích. Potomek tedy nese jednu sadu po matce a druhou sadu po otci.

Alela *P* (P_c, P_f, P_m, P_g) je dominantní a projevuje se bezrohostí.

Alela *p* (p_c, p_f, p_m, p_g) je recesivní tedy podřízená dominantní alele a projevuje se rohatostí.

U jedinců se můžeme setkat s následujícími kombinacemi alel. Pokud jedinec nese dvě stejné alely, je nazýván homozygotem. Může mít tedy alely *PP*, v takovém případě se jedná o bezrohého dominantního homozygota, nebo *pp*, kdy mluvíme o rohatém recesivním homozygotovi. Pokud křížíme dominantní homozygoty, potomstvo bude též dominantně homozygotní. To samé platí i u recesivních homozygotů, viz tab. 4.

	<i>p</i>	<i>p</i>
<i>p</i>	<i>pp</i>	<i>pp</i>
<i>p</i>	<i>pp</i>	<i>pp</i>

	<i>P</i>	<i>P</i>
<i>P</i>	<i>PP</i>	<i>PP</i>
<i>P</i>	<i>PP</i>	<i>PP</i>

Tabulka 4 Křížení dvou homozygotů

Kombinací recesivního homozygota a dominantního homozygota získáme heterozygotní jedince, kteří se fenotypově budou projevovat ve většině případů jako bezrozí.

	<i>p</i>	<i>p</i>
<i>P</i>	<i>Pp</i>	<i>Pp</i>
<i>P</i>	<i>Pp</i>	<i>Pp</i>

Tabulka 5 Křížení dominantního a recesivního jedince

Křížením heterozygotních rodičů (nesoucích obě alely, *Pp*) bude výsledkem 75 % potomků bezrohých a 25 % bude rohatých. Genotypově se projeví jen 25 % potomků homozygotně dominantních (*PP*)- ti budou do budoucna přenášet bezrohost. Polovina potomků, která ponese recesivní i dominantní alelu bude stále mít možnost přenášet gen pro rohatost i gen pro bezrohost pro další generaci. Zbývajících 25 % potomků těchto bezrohých rodičů ponese obě recesivní alely a budou rohatí.

	<i>P</i>	<i>p</i>
<i>P</i>	<i>PP</i>	<i>Pp</i>
<i>p</i>	<i>Pp</i>	<i>pp</i>

Tabulka 6 Křížení heterozygotních jedinců

Křížením tedy můžeme získat jedince s následujícím genotypem:

PP – potomek bude bezrohý, ale mohou se u něj projevit volné rohy

Pp – potomek bude bezrohý a v další generaci bude z 50 % přenášet rohatost i bezrohost

pp – potomek bude rohatý, na své potomky bude přenášet pouze rohatost

Volné rohy

Šlechtění bezrohých jedinců komplikuje výskyt falešných (volných rohů – anglicky *scurrs*). Jsou to malé rohovaté výrůstky, které nejsou srostlé s lebkou a vyvíjejí se později než samotné rohy, proto se zpočátku může jedinec jevit jako bezrohý. Původní domněnka byla, že volné rohy jsou ovlivňovány pohlavím, vzhledem k tomu, že se

objevují častěji u býků než u krav. Stejně jako u bezrohosti, výskyt falešných rohů je ovlivněn dvěma alelami, které se přenášejí z rodičů na potomky – jedna kopie po otci a jedna po matce. Alela S_c je dominantní u $Pp S_c S_c$ samců ale recesivní u $Pp S_c S_c$ samic. Volné rohy se projevují pouze v případě, že jedinec je Heterozygotně bezrohý, tedy nese alely P i p . U býků se objeví volné rohy v případě následujícího genotypu: $Pp S_c S_c$, $Pp S_c S_c$. U krav se falešné rohy projeví pouze v případě homozygotní alely S_c . (Signet, 2018). Čistě bezrohé krávy ale mohou přenášet gen pro falešné rohy na své potomky a to v případě, že mají kombinaci alel $S_c S_c$. Takovou krávu, která je bezrohá a přenáší gen volných rohů, můžeme jednoznačně poznat, pokud se jí narodí tele býka s volnými rohy, jehož otcem je čistě bezrohý býk. (Dobeš, 2009)

Africké rohy

Alela A^f (H_a) je dominantní v případě heterozygotních ($Pp A^f A^n$) samců a recesivní v případě heterozygotních samic ($Pp A^f A^n$). U samců je A^f gen dominantní ke genu bezrohosti P . To znamená, že projev samotného genu A^f bude mít za příčinu rohatost u samců dokonce i u heterozygotních Pp nebo homozygotních PP . U samic je samotný A^f gen recesivní ke genu bezrohosti P . Jedinci s genem A^f a současně s genem bezrohosti P mohou mít následující genotyp:

- Homozygotní pro gen A^f i P – tedy $A^f A^f PP$ - samci i samice budou rohatí
- Heterozygot pro Africké rohy a homozygot pro bezrohost – tedy $A^f A^n PP$ - samice budou bezrohé a samci rohatí
- Homozygot pro nepřítomnost afrických rohů i pro bezrohost – tedy $A^n A^n PP$ - samci i samice budou bezrozí (Dobeš, 2009)

	<i>Samci</i>	<i>Samice</i>
$A^f A^f PP$	<i>rohatí</i>	<i>rohaté</i>
$A^f A^n PP$	<i>rohatí</i>	<i>bezrohé</i>
$A^n A^n PP$	<i>Bezrozí</i>	<i>bezrohé</i>

Tabulka 7 Fenotypové projevy Afrických rohů

Lokus afrického rohu se nachází velmi blízko lokusu bezrohosti *Polled* popsanému pro plemena nebo může jít o mutaci ve stejné oblasti, protože literatura, která naznačuje existenci lokusu afrického rohu, je založena na nekonzistentních vzorcích dědičnosti. (Stafuzza, et al., 2018)

4.3 Fenotypové projevy rohatosti

U skotu máme tři různé projevy rohatosti. Můžeme mluvit o bezrohosti, rohatosti či o falešných rozích.

Na fenotypovém projevu bezrohosti/rohatosti se podílí tzv. 3- lokusový model, v němž jsou geny pro bezrohost, volné či africké rohy děděny nezávisle na sobě, ovšem jsou ve vzájemné interakci (Prayaga, 2007)

Jednoznačné fenotypové určení rohatosti či bezrohosti je možné až ve věku od 4 měsíců. Přestože rohatost se většinou projeví již do 3 měsíců od narození, nepravé rohy se mohou vyvíjet až kolem 4. měsíce stáří telete. Růst rohu je většinou znatelný již několik týdnů po narození a rohové pučnice se postupně spojují s lebeční částí a stávají se prodloužením lebky (Grobler, et al., 2021).

Genotyp a fenotyp býka	Genotyp a fenotyp krávy	Fenotyp potomků	Genotyp potomků
<i>pp</i> - rohatý	<i>pp</i> - rohatá	100% rohaté	100% <i>pp</i>
	<i>Pp</i> - bezrohá	50% rohaté a 50% bezrohé	50% <i>Pp</i> a 50% <i>pp</i>
	<i>PP</i> - bezrohá	100% bezrohé	100% <i>Pp</i>
<i>Pp</i> - bezrohý	<i>pp</i> - rohatá	50% rohaté a 50% bezrohé	50% <i>Pp</i> a 50% <i>pp</i>
	<i>Pp</i> - bezrohá	75% rohaté a 25% bezrohé	25% <i>PP</i> , 50% <i>Pp</i> a 25% <i>pp</i>
	<i>PP</i> - bezrohá	100% bezrohé	50% <i>PP</i> a 50% <i>Pp</i>
<i>PP</i> - bezrohý	<i>pp</i> - rohatá	100% bezrohé	100% <i>Pp</i>
	<i>Pp</i> - bezrohá	100% bezrohé	50% <i>PP</i> a 50% <i>Pp</i>
	<i>PP</i> - bezrohá	100% bezrohé	100% <i>PP</i>

Tabulka 8 Fenotypové a genotypové projevy rohatosti potomků

U telat ve věku dvou až tří měsíců se mohou objevit rohové pučnice, které nejsou spojené s lebkou a mohou se volně pohybovat v podkožní vrstvě. Tyto k lebce nepřirostlé rohy nazýváme falešnými rohy. Falešné rohy se mohou vyvíjet nepravidelně, což se týče tvaru a velikosti. Rychleji se projevují u samců (mezi čtvrtým až šestým měsícem) zatímco u samic se objevují až kolem devátého až osmnáctého měsíce.

Bezrozí jedinci se většinou projevují rovňejším tvarem lebky, zde ale nebylo prokázáno, zda je tento jev spojen s geny pro bezrohost, či je ovlivněn nepřítomností rohů,

a tedy i změnou růstu v čelní části lebky. Bezrozí jedinci s keltskou a frýskou mutací se projevují víceřadým růstem očních řas. Rohatí jedinci mají řasy poze v jedné řadě. U plemene charolais se můžeme u bezrohých jedinců setkat také s nedostatečným dvojitým osvalením.

Fenotypově se volné rohy objevují u plemen jako angus, hereford, fleckvieh, simmental, pitzgauer, limousine, charolais. (Capitan, et al., 2009).

Pro genotyp PPS_cS_c , PPS_{cS_c} , $PP_{s_cS_c}$, $Pp_{s_cS_c}$ u samců i samic platí, že tito jedinci budou bezrozí bez projevu volných rohů. Genotyp PpS_cS_c se u obou pohlaví projeví volnými rohy, U heterozygotních PpS_cS_c jedinců budou samci s volnými rohy a samice budou čistě bezrohé. Jedinci s kombinací ppS_cS_c , ppS_{cS_c} , pps_cS_c budou rohatí – obě pohlaví. (Signet, 2018)

4.4 Pravé rohy

Rohy jsou jedním z nejvýraznějších fyzických znaků skotu a turovitých všeobecně. (Davis, et al., 2014) Jedná se o trvalý, párový, většinou symetrický útvar. Rohy se vyskytují u koz, ovcí, skotu, buvolů, bizonů i antilop. U jednotlivých druhů, či plemen, se rohy liší velikostí, tvarem nebo barvou a mohou se vyskytovat jak u samců, tak u samic. (Knierim, et al., 2015) Samci své rohy využívali především v soubojích se svými konkorenty. U samic je využití rohů daleko širší. Setkáváme se s jejich využitím jako ochranným prostředkem proti predátorům nebo nástrojem pro ochranu mláďat (Knierim, et al., 2015).

Pravé rohy se skládají ze dvou částí – a to kostěného jádra a zrohovatělého epitelu.

Rohy vyrůstají z kůže kolem základny podobně, jako stěna kopyta, která roste dolů z kůže korunky nohy. U mladých telat zhruba do dvou měsíců věku se rohovinový pupen volně pohybuje v kožní vrstvě nad lebku. Jak tele stárne, rohový pupen se přichytí k lebce a jádro rohu se stane kostnatým prodloužením lebky, dutý střed jádra se otevírá přímo do čelních dutin lebky (Thompson, 2007).



Obrázek 1 Rohy a volné rohy u dvouletých jalovic

Rohy se ale v moderním pojetí chovu dobytka staly nežádoucími. Bezpečnost lidí a zvířat, zranění ať už zvířat samotných, či jejich ošetřovatelů, používání různých krmelců či krmných bariér s fixací hlavy, to vše jsou důvody, které vedly k rozšířené praxi odrohování dobytka.

4.5 Odrohování

Odrohování je tedy běžným postupem, používaným jak u masného, tak dojného skotu k fyzickému odstranění rohů zvířat. Odrohování se provádí jako preventivní opatření na ochranu zvířat i manipulantů.

Postup odrohování je regulován Evropskou směrnicí rady 98/58/EC (EU, 1998). Preventivní odrohování nekrvavými metodami (tj. chemická kauterizace, tepelná kauterizace zařízením, které vyvíjí potřebné teplo po dobu nejméně 10 sekund) bez znečitlivění je povoleno provádět pouze u telat do 4 týdnu věku (Evropská dohoda na ochranu zvířat chovaných pro hospodářské účely č. 21/2000 Sb.m.s.; Zákon č. 246/1992 Sb. ve znění pozdějších předpisů). Bez ohledu na použitou metodu, je odrohování pro telata bolestivým a stresujícím zákrokem. Tepelná kauterizace může způsobit popáleniny až 3. stupně, chemická kauterizace potom způsobuje bolestivé alkalické popáleniny, a mechanické odrohování je často spojeno s velkým krvácením. (Malá, 2019)

Pro chovatele se však jedná o celkem nákladnou metodu a pro zvíře jde o bolestivý zákrok. Nedávné studie ukázaly, že zhruba polovina chovatelů, kteří odrohovávají svá zvířata, používá nějaký druh anestetik na snížení bolesti. S ohledem na dobré životní podmínky zvířat bylo navrženo eliminovat potřebu odrohování zavedením přirozeně se vyskytující bezrohé alely do elitních linií rohatého skotu prostřednictvím úpravy genomu, aby se zabránilo rozvoji rohových pučnic. (Hennig, et al., 2022)

5 Chov skotu v ČR

Dle údajů českého statistického úřadu se v České republice na podzim roku 2020 chovalo 1412,3 tis. kusů skotu, z toho 291 tis. býků, 589 tis. krav, zbývající skupinu tvořila zvířata ve věku do 2 let.

V rozmezí roku 2000-2020 došlo ke změně zastoupení užitkového typu. Počet dojených krav klesl na 358,9 tisíce (-28,2 %), počet ostatních krav, tedy masných, se zna- telně navýšil na 230,1 tisíce (+136,0 %) (ČSÚ, 2020).

Chov geneticky bezrohého skotu, je bezpochyb cestou, jak zajistit zvířatům vhodné podmínky welfare a neinvazivní alternativu k odrohování.

V české republice se chov skotu řídí vyhláškou 208/2004 Sb. o minimálních standar- dech pro ochranu hospodářských zvířat. Tato vyhláška mimojiné stanovuje i poža- davky na chov rohatých a bezrohých zvířat ve výkrmu, kdy nesmí být chován ve sku- pinách bezrohý a rohatý skot společně. Tento standart již ale není nutný, pokud mají zvířata volný přístup do výběhu a na pastvu.

Chovatelé ve snaze plnit požadavky této vyhlášky přistupují k odrohování skotu. Me- toda odrohování závisí na způsobu chovu, věku skotu. Ve většině případů samotnému odrohování předchází odchyt jedinců, fixace což samo o sobě je pro zvířata velmi stre- sující. Samotný zákrok odrohování je též spojen s určitým stupněm bolestivosti. Proto s ohledem na pohodu zvířat bývají rohatá zvířata oddělena od těch bezrohých, což ovšem zvyšuje náklady a časovou náročnost pro chovatele.

Mezi hlavní plemena chovaná v České republice řadíme následující:

Masná plemena: galoway, higland, aberdeen angus, hereford, belgické modré, limousine, piemontese, gasconne, charolais, plavé akvitánské, salers, uckermärker

Kombinovaná plemena: brown swiss, české strakaté – fleckvieh, montbeliarde

Mléčná (dojná) plemena skotu: holštýn, jersey, ayrshire, švédský červený skot

Z hlediska bezrohosti můžeme rozlišit významná rohatá plemena- highland, salers, plemena s fixovanou bezrohostí- aberdeen angus, galloway, hereford a plemena u kte- rých se setkáváme s rohatou i bezrohou formou- simentál, charolais, limousine, hol- štýn. U poslední kategorie je dle šlechtitelských programů jedním z cílů zaměření se na bezrohost (ČSCHMS, 2019)

6 Významná bezrohá plemena skotu chovaná v ČR

V české republice se chovají plemena, která jsou dominantně bezrohá, bez jakýchkoli náznaků rohů, volných rohů nebo dalších rudimentů. Toto je vylučujícím znakem a jedinec nemůže být zapsán do plemenné knihy.

6.1 Aberdeen angus

Aberdeen angus (AA) patří mezi nejrozšířenější, a tedy i nejoblíbenější masná plemena v ČR. Jedná se o plemeno typické celoplášťovým černým nebo červeným zbarvením a bezrohostí. Počtem chovaných zvířat se řadí v současné době na čtvrté místo. Do Čech bylo poprvé dovezeno v roce 1991 převážně z Kanady, ale později i ze SRN, Dánska a Rakouska. Zcela dominantní místo při importech získala Kanada. V současné době se na stavu žijících krav podílí původní importy z Kanady ještě 28,5 %, ale krávy narozené v ČR již představují 63,2 % žijících krav. V roce 1992 byly registrovány v ČR tři chovy s celkovým počtem 34 krav. Od té doby se počet chovaných zvířat velmi dynamicky rozvíjí a v roce 2000 bylo registrováno v rámci kontroly užitkovosti 76 chovů s celkovým počtem 3435 krav, z toho 1668 krav čistokrevných.

I přes snadné telení, které je pro plemeno charakteristické, je určitou slabinou chovu AA v ČR nižší podíl živě narozených telat. Vyšší ztráty telat při anebo krátce po porodu mohou jít na vrub nedostatečné chovatelské péči v období telení. Stabilně by mělo být v chovu dosahováno 96 % a vyššího podílu živě narozených telat a zlepšení tohoto ukazatele je i cílem šlechtění pro další období.

Za základní záporné znaky a vady jsou například považována zvířata s bílou kůží na spodní straně těla od pupku ke hrudi (povoleno je od pupku k zadním nohám), na noze nebo nohách, nebo s jinou barvou kůže, než je tradiční černá, případně červená, Zvířata s bílým okem, rohy nebo jejich rudimenty (nepřípustné jsou i volné rohy), přičemž za rohy se považují i chrupavčité výrůstky. (Karel Šeba, ČSCHMS, 2002)

Dospělé krávy měří v kohoutku okolo 135 cm při hmotnosti 650-700 kg, býci dosahují výšky 145-155 cm a hmotnosti 1100-1300 kg. Maso plemene Aberdeen Angus patří mezi nejchutnější steaková masa. Jedná se o vysoce kvalitní maso se specifickou chutí, které je ideální ke kulinářskému zpracování. Při dobrém způsobu výživy zvířete maso dosahuje vysokého stupně mramorování, což chuti dodává křehkost, jemnost a šťavnatost. (TOPBEEF.CZ, 2011)

6.2 Galloway

Plemeno pochází z jihozápadního Skotska a je to nejstarší dochované plemeno v Anglii. Stáda tohoto plemene se pásala v četných údolích řek i v blízkosti mořského pobřeží i ve vysokých horách. Díky tomuto vývoji získalo plemeno galloway nesmírnou odolnost a tvrdost, a proto si jej v pozdějších dobách oblíbili místní chovatelé. Od roku 1881, kdy byla založena první plemenná kniha tohoto plemene na území Velké Británie, začala skutečná chovatelská práce a i jeho rozšíření do celého světa. Na pevninském území Evropy nastalo rozšíření tohoto plemene a vznik plemenné knihy až prakticky po skončení 1. světové války a zejména v 50. až 60. letech 20. století. Nejvyšší rozšíření plemene v Evropě je v současné době v Německu. V České republice se toto plemeno chová od roku 1991, kdy byla dovezena první skupina zvířat právě z Německa a také z Rakouska. Plemeno je masného užitkového typu a malého tělesného rámce. Nenáročnost plemene jej tak předurčuje k extenzivnímu chovu v horských a podhorských oblastech. Dále se vyznačuje dobrou růstovou schopností telat, vynikajícími mateřskými vlastnostmi a nízkými ztrátami během odchovu telat. Jedná se o plemeno dominantně bezrohé. Vyskytuje se ve více než 10 barevných variantách, přičemž základní formy jsou: plášťová (černá, červená, „dun“), belted (základní barvy + bílý pruh), white park a riggít. Výška krav v kohoutku je 120 až 125 cm, živá hmotnost 450 kg. Býci dosahují 128 až 130 cm v kohoutku při živé hmotnosti 650 až 700 kg. (Hrtúsová , 2021)

7 Plemena skotu chovaná v rohaté i bezrohé formě v ČR

7.1 Charolais

Plemeno pocházející z Francie, vyšlechtěné na konci 18. století. Jedinci s vynikají výkrmností, vysokým přírůstkem a nízkým podílem tuku. Díky výkrmnosti je toto plemeno známé bohužel vyšším procentem komplikovaných porodů. Možná právě proto se ale také používají jedinci tohoto plemene k užitkovému křížení s ostatními plemeny skotu. Pro toto plemeno je typická krémově bílá barva, růžový mulec a světlé paznehty. Charolais se chová v rohaté i bezrohé formě. První import do České republiky byl v roce 1990 z Maďarska a v roce 1992 byl z Kanady eimportován první bezrohý býk. Plemeno charolais (zkr. CH, v rámci KUMP a ústřední evidence T) je nejpočetnějším plemenem chovaným v systému krav bez tržní produkce mléka na území ČR. Plemeno charolais patří k nejvýkonnějším masným plemenům v ČR. I přes meziroční kolísání přírůstků v testu, dochází ke každoročnímu zvyšování přírůstků od narození. Dosahované hmotnosti býků vybraných do plemenitby ve věku 120, 210 a 365 dní dokladují uspokojivý selekční tlak, který je realizován u mladých býků při zařazování do testu. Plemeno charolais patří mezi masná plemena, je středního až velkého tělesného rámce s harmonickou stavbou těla. Silná a pevná kostra tvoří podklad k výraznému osvalení, šířkovým a hloubkovým rozměrům trupu. Plemeno je chováno v rohaté i bezrohé formě. Zvířata geneticky bezrohá jsou označována „P“ („PP“ homozygotně bezrohá) a s volnými rohy „V“. Je-li jeden z rodičů geneticky bezrohý, ověřuje se bezrohost testováním. Zvířata testovaná na bezrohost mají za označením uvedenou hvězdičku (např. P*). (ČSCHMS, 2019)

7.2 Hereford

Na území ČR se plemeno hereford (zkr. HE nebo HRF, v rámci ústřední evidence U) chová od roku 1974, kdy byla do několika zemědělských podniků tehdejší ČSSR dovezena zvířata z Kanady. Jednalo se o bezrohý typ skotu a zvířata se vyznačovala spíše malým až středním tělesným rámcem, i když s dobře vyvinutými šířkovými a hloubkovými rozměry rozhodujících tělesných partií. Velikou chybou však bylo, že skot byl dovezen bez jakéhokoli „know how“. V současné době je herefordský skot pátým nejpočetnějším plemenem masného skotu chovaným v ČR a je registrován v Plemenné knize vedené ČSCHMS. Plemeno je v posledním období převážně využíváno díky

svým výborným vlastnostem v mateřské pozici při křížení s ostatními masnými plemeny. Vzhledem ke zvyšování početních stavů bude snaha, obdobným způsobem jako v zemi původu, dosáhnout těchto cílů:

- upevnění mateřských vlastností – produkce zvířat, která jsou využívána v čistokrevné populaci
- zvyšování růstové schopnosti a masné užitkovosti – produkce zvířat pro užitkové křížení
- bezrohost – v návaznosti na celosvětové trendy šlechtění geneticky bezrohého skotu se i v českých podmínkách v současné době soustředí šlechtitelská práce na bezrohost

Herefordský skot je chován ve dvou základních formách, rohatý a bezrohý. Zvířata geneticky bezrohá jsou označována „P“ („PP“ homozygotně bezrohá) a s volnými rohy „V“. Je-li jeden z rodičů geneticky bezrohý, ověřuje se bezrohost testováním. Zvířata testovaná na bezrohost mají za označením uvedenou hvězdičku (např. P*). (ČSCHMS, 2019)

7.3 Limousin

Počátkem devadesátých let minulého století bylo plemeno limousine (zkr. LI, v rámci ústřední evidence Y) nejvíce využíváno v inseminaci v rámci užitkového křížení s naší populací skotu. První nákupy čistokrevných zvířat v roce 1990 pocházely z Maďarska a založily chov v pěti zemědělských podnicích. Ostatní chovy limousina jsou založené převážně na francouzské genetice. Inseminace prověřenými býky z Francie v rámci čistokrevné plemenitby přinesla i výrazné zlepšení růstové schopnosti telat. To spolu s vynikající masnou užitkovostí plemene přineslo i značný zájem chovatelů o toto plemeno. Nejvíce je limousine využíván v užitkovém křížení. – V návaznosti na celosvětové trendy šlechtění geneticky bezrohého skotu se i v českých podmínkách v současné době soustředí šlechtitelská práce limousine na bezrohost. Plemeno je původně rohaté, ale dle současného trendu se zvyšuje počet bezrohých jedinců. Zvířata geneticky bezrohá jsou označována „P“ („PP“ homozygotně bezrohá) a s volnými rohy „V“. Je-li jeden z rodičů geneticky bezrohý, ověřuje se bezrohost testováním. Zvířata testovaná na bezrohost mají za označením uvedenou hvězdičku (např. P*). (ČSCHMS, 2019)

7.4 Belgické modrobílé

První zmínky o modře zbarveném skotu sahají do 19. století do oblasti řek Meuse a Escaut. Plemeno vznikalo především za pomoci tehdy velmi populárního plemene Shorthorn. Okolo roku 1880 se začalo s první šlechtitelskou prací. V praxi se ovšem toto šlechtění omezovalo pouze na výběr nejlepších jedinců dle znaků zevnějšku. Tato situace trvala až do roku 1914, kdy byla veškerá další práce přerušena válkou. Až v roce 1919 byla v Belgii oficiálně stanoven chovný cíl plemene: kombinovaná užitkovost s vyrovnanou masnou a mléčnou produkcí (4 000 litrů mléka). Tento trend šlechtění se udržoval až do roku 1950, kdy celé zemědělství začínalo procházet poměrně rychlou transformací spojenou s využíváním umělé inseminace, mechanizace, ale také chemických hnojiv. V letech 1950-1960 tak nastal obrat v orientaci dalšího vývoje plemene, především na základě změny ekonomických podmínek a požadavků trhu, který začal upřednostňovat křehké a libové maso vhodné pro rychlé kuchyňské úpravy. V tomto období se tak nejprve u býků a poté také u krav začínají selektovat jedinci dle osvalení. Zlom nastal v období let 1960-1970, kdy se šlechtění plnou měrou soustředilo na výraznou masnou užitkovost. Výsledkem šlechtitelské práce je tak 80-85 % zastoupení zvířat s tzv. dvojitou zmasilostí (double muscling). Pouze velmi malé procento z celé populace jsou zvířata kombinovaného užitkového typu.

Plemeno belgické modrobílé se řadí mezi extenzivní plemena středního tělesného rámce. Plemeno nabývá stále většího světového významu především v oblasti užitkového křížení s mléčnými plemeny. Svoji oblibu si získalo především díky vynikající masné užitkovosti. V čistokrevné formě jsou zvířata chována ve velké míře pouze v zemi původu, v ostatních zemích se čistokrevné chovy vyskytují spíše pro účely šlechtění a produkci plemenného materiálu. Populace v Belgii čítá kolem 1,5 mil. zvířat, což představuje 45 % skotu chovaného v celé Belgii.

Do České republiky bylo plemeno belgické modrobílé importováno v čistokrevné formě poprvé v roce 1994 do VÚŽV Uhřetěves. V posledních dvou letech se projevuje velký zájem o toto plemeno, především pro využití v užitkovém křížení. (Pokorný, 2013)

U tohoto plemene se šlechtěním na bezrohost v ČR zabývá pan Jaroslav Velát, kterému se v 11. února 2022 jako prvnímu v ČR narodil první bezrohý býček ze spojení rohaté belgické matky a plemenného býka Daim (inseminací). (Malát, 2022)

7.5 Holštýnský skot

Holštýnský skot patří mezi nejrozšířenější kulturní plemena na světě. Jedná se o plemeno s vysokou mléčnou užitkovostí. Známe je také jako holštýnsko-fríský či černostrakatý skot. Plemeno je charakteristické černostrakatým zbarvením s černou hlavou, která má většinou bílou hvězdu nebo lysinu. Některá zvířata jsou nositelé recesivní alely, která dává zvířatům s homozygotně recesivním založením červenostrakaté zbarvení. Pro tato zvířata se vžil označení červený holštýnský skot (Red Holstein). V posledních desetiletích jsou tato zvířata využívána k zušlechťování zejména strakatých kombinovaných plemen, ale také červenostrakatých a hnědých plemen. U holštýnského skotu byla původně genetická bezrohost považována za známku tělesné slabosti, a proto byla geneticky bezrohá zvířata vyřazována. Díky majoritě rohaté populace a tedy většímu „rozšíření“ genů, má většina současných bezrohých býků jednoho z rodičů rohatého. Šlechtění bezrohých zvířat je tedy svázáno s rohatou populací a v podstatě kopíruje její genetický posun. Pokud vše půjde dál tímto směrem, dosáhneme dříve či později stavu, kdy bude bezrohá populace rozsahem a kvalitou srovnatelná s populací rohatou. V tento moment nejspíše dojde k prudkému zvratu a lze očekávat, že se začnou do testace zařazovat převážně bezrozí býci. (Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, 2022)

7.6 Jerseyký skot

Jedná se o mléčné plemeno skotu malého tělesného rámce a živého temperamentu. Zajímavostí je, že je toto plemeno na ostrově Jersey chováno již od roku 1763 bez příměsí krve jakýchkoliv jiných plemen. Tato skutečnost dala vzniknout plemeni velmi vyrovnaného typu. Jedná se o plemeno rané (plemenice se poprvé telí ve věku okolo 24 měsíců), výrazně mléčného typu s velkým, prostorným, žlaznatým vemenem a pevnou konstitucí. Barva srsti je v barevné škále od světle žluté přes různé odstíny hnědé (červené) až po černou. Černý mulec, špičky rohů a paznehtů jsou typickým znakem tohoto plemene. Plemeno je využíváno výhradně pro mléčnou produkci. Mléko tohoto plemene vyniká vysokým obsahem mléčných složek, především pak obsahem tuku, který dosahuje 6 % i více. Obsah bílkovin se v průměru pohybuje okolo 4 %. Celkový nádoj za laktaci se pohybuje od 4500 kg do 7000 kg mléka v závislosti na jednotlivých státech. Vzhledem k vysokému procentu mléčných složek je mléko

vhodné pro výrobu tučných sýrů a másla. Cílem šlechtění jerseykého skotu je průběžné zlepšování celkové rentability chovu na základě genetického zlepšování užitkových vlastností. Šlechtěním jsou vytvářeny podmínky chovu směřující k získávání zdravé, dlouhověké a rentabilní dojnice. (ČSCHMDPS, 2022)

8 Nová-kompozitní plemena

Se zvyšujícím se tlakem na zlepšení životních podmínek zvířat, a s tím spojeným i chovem bezrohého skotu, se setkáváme s cíleným křížením plemen za účelem dosažení ideálních užitkových vlastností.

8.1 RedyBlack

Stabilizer – kompozitní bezrohé masné plemeno doposud populární v anglosaských zemích se dostává do Francie. Po uznání INRA95 jde v pořadí o druhé syntetické plemeno, které bylo ve Francii schváleno za oficiální plemeno a na které byla zřízena plemenná kniha (psali jsme zde). Tu povede francouzské sdružení Bovinext. Nebude se však nazývat stabilizer, ale RedyBlack. Plemeno skotu stabilizer je křížencem anguse, simentála, hereforda a plemene gelbvieh. Stabilizer se chová v černé a červené variantě. Ve šlechtitelském programu Bovinext uvádí, že plemeno bude dále rozvíjet prostřednictvím trojplemenného křížení plemene stabilizer s využitím angusské a simentálské genetiky. Chovatelským cílem má být produkce jatečných býků od 18 do 24 měsíců s JUT hmotností 350 kg a se SEUROP klasifikací R a stupněm krytí tukem 4. Maso má být jemně mramorované. V současné době čítá populace RedyBlack (stabilizer) ve Francii zhruba 300 matek rozmístěných na 35 chovných farmách. Cílem je mít do 10 let populaci 2 000 chovných matek rozložených na 50 chovných farmách. (Malát, 2021)

8.2 Uckermärker

Plemeno vzniklo v 70. letech 20. století v bývalé Německé demokratické republice (NDR), a to křížením mateřských plemen charolais (genotyp 6) a masný simentál (genotyp 7). Původní pojmenování plemene „Genotyp 67“ byl posléze nahrazen názvem oblasti Uckermark, kde plemeno vzniklo – uckermärker (UCK). V roce 1992 bylo plemeno uckermärker oficiálně uznáno jako nové masné plemeno skotu. Plemeno uckermärker je velkého tělesného rámce vyznačující se klidným temperamentem, snadnými porody, vynikající mléčností a výbornými mateřskými vlastnostmi. Jemnější kostra s výborným osvalením dávají maximální předpoklad pro následné ekonomické zhodnocení ve výkrmu zvířat (jatečná výtěžnost až 63 %). Prvních 10 jalovic po odstavu plemene uckermärker (zkr. UCK v rámci KUMP i ústřední evidence) bylo dovezeno v prosinci roku 2014 a dalších 10 kusů v prosinci roku 2015, všechny na chov

společnosti Prontus agro, s.r.o. na Jesenicko. Dále bylo do ČR v roce 2015 přivezeno 9 plemenných býků na chov pana Sittera do Jižních Čech a také inseminační dávky plemenného býka Stürmer (státní registr UCK 005) pro inseminaci jalovic importovaných v roce 2014. Následně dovezla firma Prontus agro, s.r.o. dva plemenné býky do přirozené plemnitby, prvního v roce 2017 a druhého v březnu 2018, oba dva z aukcí v Německu. Plemeno je původně rohaté, ale od doby uznání je šlechtěno na bezrohost. Přesto se mohou v populaci vyskytnout jedinci s rohy, což není důvodem k jakékoli penalizaci. (ČSCHMS, 2019)

9 Metody testování na bezrohost v ČR

Metoda testace SNP sloužící k ověřování původu a k budoucímu využití pro výpočty genomických plemenných hodnot funguje v České republice od podzimu roku 2018. Chovatelé si mohou v laboratoři imunogenetiky ČMSCH, a.s. objednat testovací sady nejen na ověření původu ale i na prověření rohatosti či dvojího osvalení

Nový způsob testování s sebou přinesl i rozšíření označování bezrohých jedinců. Jedincům, kteří jsou přes DNA otestováni jako heterozygotně bezrozí, nebo naopak rohatí, je za jméno a příslušnou písmennou zkratku přidána hvězdička – P* (heterozygotně bezrohý ověřený testem) nebo R* (otestovaný rohatý jedinec). Zvířata geneticky bezrohá jsou označována „P“ („PP“ homozygotně bezrohá) a s volnými rohy „V“.

Testování bezrohosti bylo až donedávna na dobrovolnosti chovatelů. Některé chovatelské kluby si však ve svých podmínkách schválily, že budou u určitých kategorií zvířat bezrohost testovat plošně. U masného simentála je tak od loňského roku povinností provádět test na bezrohost u mladých býčků před jejich naskladněním do odchovu a také při prodeji jalovic. U plemen charolais a limousine je test před naskladněním býčků povinný v případě, že je alespoň jeden z rodičů geneticky bezrohý. (Malát , 2020)

10 Závěr

Jelikož doposud nejsou známy konkrétní geny pro bezrohost na BTA1 nebo volné rohy na BTA19, je nutné, aby dále pokračoval výzkum této problematiky. V současné době se tedy musíme spokojit s testováním pomocí SNP či testováním pomocí mikrosatelitů. Jednotlivá chovatelská sdružení a svazy mají označování bezrohosti, jež ve svých stanovách a šlechtitelských programech zahrnuje.

Chovatelům lze doporučit pro sestavování rodičovských párů již geneticky ověřené a označené jedince. Rohaté matky připouštěje pouze býky homozygotně bezrohými abychom docílil bezrohosti ve stádě. Jakmile bude dosaženo bezrohosti ve stádě, měli by se chovatelé zaměřit na projevy volných rohů.

V případě neotestovaných býků je další možností tzv. testační přípařování, tedy připouštění rohatých krav bezrohým býkem. Vhodné je použít býka pro nejméně 10 rohatých krav. Pokud se alespoň u jednoho z potomků objeví rohy, je prokazatelné, že býk nese gen pro rohatost a je tedy heterozygotně bezrohý.

Ve výzkumu bezrohosti byli učiněny již velké pokroky, nyní je v rukách chovatelů, aby bezrohost zavedli ve svých stádech s ohledem na uchování vhodných užitkových vlastností.

11 Použité zdroje

Aldersey, J. E., a další. 2020. Understanding the effects of the bovine POLLED variants. *Animal Genetics* 51. 2020, stránky 166-176.

Asai, M., Berryere, T.G a Schmutz, S.M. 2004. The scurs locus in cattle maps to bovine chromosome 19. *Animal Genetics* 35. 2 2004, stránky 34-39.

Barendse, W., a další. 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nature Genetics* 6. 3 1994, stránky 227–235.

Brenneman, R.A., a další. 1996. The polled locus maps to BTA1 in a *Bos indicus* x *Bos taurus* cross. *The Journal of heredity*. 5 1996, stránky 156-161.

Capitan, Aurélien, a další. 2011. A Newly Described Bovine Type 2 Scurs Syndrome Segregates with a Frame-Shift Mutation in TWIST1. *Plos One*. 21. 7 2011.

Capitan, Aurélien, a další. 2009. The scurs inheritance: new insight from the French Charolais breed. *MBC Genetics*. 6. 7 2009.

Cappelli, Jamil, a další. 2017. The bony horn core of the common eland (*Taurotragus oryx*): composition and mechanical properties of a spiral fighting structure. *Journal of anatomy* 232 (1). 29. 12 2017, str. 72.79.

ČSCHMDPS. 2022. ČSCHMDPS z.s. - Bohemia Jersey. [Online] 2022. <https://www.jersey.cz/>.

ČSCHMS. 2019. Český svaz chovatelů masného skotu. [Online] 2019. http://cschms.cz/index.php?page=sle_program.

—. **2019.** Šlechtitelský program. [Online] 2019. http://www.cschms.cz/DOC_SLECHTENI_program/199_Slechtelsky_program_UC K.pdf.

—. **2019.** Šlechtitelský program hereford. [Online] 9. 12 2019. [Citace: 16. 4 2022.] http://simmental.cz/DOC_SLECHTENI_program/181_Slechtelsky_program_HE.pdf.

—. **2019.** Šlechtitelský program charolais. [Online] 9. 12 2019. [Citace: 16. 4 2022.] http://www.cschms.eu/DOC_SLECHTENI_program/183_Slechtelsky_program_CH.pdf.

—. **2019.** šlechtitelský program limousin. [Online] 9. 12 2019. [Citace: 16. 4 2022.] http://www.cschms.cz/DOC_SLECHTENI_program/184_Slechtelsky_program_LI.pdf.

ČSÚ. 2020. Český statistický úřad. [Online] 1. 4 2020. www.czso.cz.

-
- Davis , E, Brakora , K. a Stilson, K. 2014.** Evolution, development and functional role of horns in cattle. *Ecology, Evolution and Behaviour of Wild Cattle: Implications for Conservation*. 2014, stránky 72-82.
- Dobeš, Radek. 2009.** Bezrohlost. *Šlechtitel*. 6 2009, stránky 38-40.
- Drögemüller, Cord, a další. 2005.** Fine mapping of the polled locus to a 1-Mb region on bovine Chromosome 1q12. *Mammalian Genome volume 16*. 14. 7 2005, stránky 613–620.
- Dvořák, Josef. 2006.** Rohatost a genetika- pro chovatele masného skotu. *Zpravoda ČSCHMS*. 3 2006, stránky 26-29.
- Gazdová, Veronika. 2007.** *Gazdová, V. (2007). Identifikace SNPs asociovaných s produkcí masa skotu.* . Brno : Mendlova zemědělská a lesnická univerzita, 2007.
- Genetic Alliance. 2009.** *Understanding Genetics*. Washington (DC) : The New York-Mid-Atlantic Consortium for Genetic and Newborn Screening Services., 2009.
- Genome-wide association study provides insights into genes related with horn development in Nelore beef cattle.* **Stafuzza, Nedenia Bonvino, a další. 2018.** 8, 2018, Plos One, Sv. 13.
- Harlizius, Barbara, a další. 1997.** 1997, *New markers on bovine Chromosome 1 are closely linked to the polled gene in Simmental and Pinzgauer cattle.* *Mammalian Genome volume 8*, stránky 255-257.
- Hennig, Sadie L., a další. 2022.** A deletion at the polled PC locus alone is not sufficient to cause a polled phenotype in cattle. *Scientific Reports volume 12*. 2 2022.
- Hrtúsová , Jana. 2021.** Plemena masného skotu- Galloway. [Online] 31. 5 2021. [Citace: 16. 4 2022.] <https://www.agropress.cz/galloway/>.
<http://www.cschms.cz/index.php?page=novinka&id=2981>. [Online]
- Challenges in selection and breeding of polled and scur phenotypes in beef cattle.*
- Grobler, R, Marle-Köster, E.van a Visser, C. 2021.** 2021, *Livestock Science vol 247*.
- Karel Šeba, ČSCHMS. 2002.** Šlechtitelský program plemene aberdeen angus. [Online] 14. 1 2002. [Citace: 16. 4 2022.] <https://naschov.cz/slechtitelsky-program-plemene-aberdeen-angus/>.
- Ketel , Crystal a Asai-Coakwell, Mika. 2020.** Heterozygosity of the Celtic polled locus in Canadian scurred beef cattle. *Canadian Journal of Animal Science*. 30. 1 2020, stránky 479-484.

-
- Knierim, Ute, Irrgang, Nora a Roth, Beatrice A. 2015.** To be or not to be horned—Consequences in cattle. *Livestock Science* 179. 2015, stránky 29-37.
- Louda, František. 1995.** Agris. [Online] 1995. <http://www.agris.cz/>.
- Malá, Gabriela. 2019.** Aktuální problémy s welfare u telat, Česká technologická platforma pro zemědělství. [Online] 8. 10 2019. <https://www.ctpz.cz/vyzkum/aktualni-problemy-s-ewelfare-u-telat-967>.
- Malát, Kamil. 2020.** Označování bezrohých zvířat v ČR a v Německu. *ČMSCHMS*. 17. 7 2020.
- Malát, Kamil. 2022.** Bezrohý program v chovu plemene belgické modrobílé má i v České republice první výsledky. *Zpravodaj ČSCHMS 1/2022*. 2022, stránky 32-33.
- **2021.** RedyBlack: nové plemeno skotu ve Francii. [Online] 20. 4 2021. <http://www.cschms.cz/index.php?page=novinka&id=3183>.
- Medugorac, Ivica, a další. 2012.** Bovine Polledness – An Autosomal Dominant Trait with Allelic Heterogeneity. *PLOS ONE*. 21. 6 2012.
- Medugorac, Ivica, a další. 2017.** Whole-genome analysis of introgressive hybridization and characterization of the bovine legacy of Mongolian yaks. *Nature Genetics*. 30. 1 2017, stránky pages470–475.
- Microsatellite mapping of a gene affecting horn development in Bos taurus.* **Georges, Michael, a další. 1993.** 2, místo neznámé : *Nat Genet.*, 1993, *Nature Genetics* 4, Sv. 4, stránky 206-210.
- NCBI. 2017.** National Library of Medicine-Polymerase Chain Reaction (PCR). [Online] 2017. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/probe/docs/techpcr/>.
- Pokorný, Zbyněk. 2013.** Belgické modrobílé. [Online] 11. 12 2013. <http://www.chovzvirat.cz/zvire/3400-belgicke-modrobile/>.
- Prayaga, K.C. 2007.** Genetic options to replace dehorning in beef cattle - A review. *Australian Journal of Agricultural Research* 58. 1 2007.
- Randhawa, Imtiaz A.S., a další. 2020.** Optimized Genetic Testing for Polledness in Multiple Breeds of Cattle. *G3 (Bethesda)*. 2 2020, stránky 539–544.
- Seichter, D., a další. 2012.** SNP-based association mapping of the polled gene in divergent cattle breeds. *ANIMAL GENETICS*. 1. 10 2012, stránky 595-598.
- Schmutz, S.M., a další. 1995.** DNA marker-assisted selection of the polled condition in Charolais cattle. *Mamm Genome*. 6. 10 1995, stránky 710-713.

-
- Signet, Agriculture and Horticulture Development Board. 2018.** Signet breeding services. [Online] 2018. <https://www.signetdata.com/technical/genetic-notes/breeding-for-polling-in-cattle/>.
- Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, z.s. 2022.** Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, z.s. [Online] 2022.
- Šípek, Antonín. 2010.** Genetika-Biologie. [Online] 2010. [Citace: 30. 3 2022.] <http://www.genetika-biologie.cz/historie-genetiky>.
- Thompson, Rod. 2007.** Dehorning cattle. *Department of primary industries*. [Online] 13. 8 2007. <https://www.dpi.nsw.gov.au/>.
- TOPBEEF.CZ. 2011.** TOPBEEF. [Online] 2011. <http://www.topbeef.cz/>.
- Utsunomiya, Yuri Tani , a další. 2019.** Hornless Nellore cattle (*Bos indicus*) carrying a novel 110 kbp duplication variant of the polled locus. *ANIMAL GENETICS*. 15. 1 2019, stránky 187-188.
- Wunderlich, K.R., a další. 2006.** A 2.5-Mb contig constructed from Angus, Longhorn and horned Hereford DNA spanning the polled interval on bovine chromosome 1. *ANIMAL GENETICS* 37. 21. 11 2006, stránky 592-594.
- Zimin, Aleksey V, a další. 2009.** A whole genome assembly of the domestic cow, *Bos Taurus*. *Genome Biology*. 10, 2009, Sv. 4.

Seznam tabulek

Tabulka 1	1. Mendelův zákon dědičnosti	15
Tabulka 2	2. Mendelův zákon dědičnosti	16
Tabulka 3	3. Mendelův zákon dědičnosti	16
Tabulka 4	Křížení dvou homozygotů.....	18
Tabulka 5	Křížení domynantního a recesivního jedince.....	18
Tabulka 6	Křížení heterozygotních jedinců	18
Tabulka 7	Fenotypové projevy Afrických rohů	19
Tabulka 8	Fenotypové a genotypové projevy rohatosti potomků.....	20

Seznam obrázků

Obrázek 1 Rohy a volné rohy u dvouletých jalovic.....	22
---	----

Seznam použitých zkratek

BTA1	Bos taurus autosome 1
BTA4	Bos taurus autosome 4
BTA19	Bos taurus autosome 19
ČMSCH	Českomoravská společnost chovatelů, a.s.
ČSCHMDPS	Český svaz chovatelů málopočetných dojených plemen skotu, z.s.
ČSCHMS	Český svaz chovatelů masného skotu, z.s.
DNA	Deoxyribonukleová kyselina
INRA95	Francouzské plemeno skotu zapsané v roce 1960
JUT	Jatečně upravené tělo
KUMP	Kontrola užítkovosti masných plemen
MAS	Marker assisted selection
NDR	Německá demokratická republika
PCR	Polymerase chain reaction (polymerázová řetězová reakce)
RTG	Rentgenové záření (radioizotopový termoelektrický generátor)
SEUROP	Systém k hodnocení jakosti poražených hospodářských zvířat
SNP	Single nucleotide polymorphisms (jednonukleotidový polymor- fismus)
SRN	Spolková republika Německo
VÚŽV	Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.