

Univerzita Palackého v Olomouci  
Přírodovědecká fakulta  
Katedra zoologie a ornitologická laboratoř



**Optimalizace reprodukce kudu malého (*Tragelaphus  
imberbis*) v zajetí**  
**Management a analýza evropské populace**

Irena Kubinová

Diplomová práce  
předložená  
na Katedře zoologie a ornitologické laboratoře  
Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci

jako součást požadavků  
na získání titulu Mgr. v oboru  
Zoologie

Vedoucí práce: prof. Ing. Stanislav Bureš, CSc.  
Konzultant: RNDr. Pavel Moucha

Olomouc 2011

Kubinová, I.: Optimalizace reprodukce kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v zajetí, management a analýza evropské populace. Diplomová práce, Katedra zoologie a ornitologická laboratoř PřF UP v Olomouci, 57 s., 1 příloha, česky.

## **Abstrakt**

V diplomové práci jsou provedeny základní demografické a genetické rozborů hlavních evropských populací kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v zajetí. Populace jsou navzájem porovnány a zhodnocen je jejich současný stav. Cílem je zjistit míru optimalizace chovu, možnosti uplatnění cílů managementu populací v nepřírozených podmínkách zajetí a najít možné způsoby řešení hlavních problémů. Pomocí demografických rozborů byly zhodnoceny základní vitální hodnoty těchto populací, porovnány předpoklady měř růstu zhodnocené v kontrastu s limitovanými podmínkami chovu a navržena jsou optimalizační řešení. V rámci genetických analýz byl řešen přehled o aktuálním genetickém stavu sledovaných populací, míra dochované původní genetické diverzity, příspěvky a význam zakladatelů, unikátnost genomu potomků, výše příbuznosti mezi jedinci v rámci populací a možná míra koeficientu inbreedingu pro následné generace potomků. Ke studiu byla použita Evropská plemenná kniha kudu malého (European Lesser Kudu Studbook), programy SPARKS a PM 2000. Zhodnocena byla data ze zoologických zahrad ve Dvoře Králové nad Labem, Basileji a Stuttgartu. Jako nejlepší optimalizační řešení se prokázalo obnovení genetické výbavy populací dodáním nových jedinců, zvětšení životního prostoru v zajetí, časté transporty, snížení nároků obecných cílů genetického managementu a možnost chovných zařízení čerpat z více zdrojů pro správné vedení chovu.

Klíčová slova: kudu malý (*Tragelaphus imberbis*), chov v zajetí, zoologická zahrada, demografická analýza, genetická analýza, zakladatelé, potomci, genetická diverzita, inbreeding, příbuznost, SPARKS, PM 2000, genetický management, optimalizace chovu.

Kubinová, I.: Optimization of reproduction of captive lesser kudu (*Tragelaphus imberbis*), management and analysis of european population. Diploma Thesis, Department of Zoology and Laboratory of Ornithology, Faculty of Science, Palacky University, Olomouc, 57 pp., 1 Appendix, in Czech.

## **Abstract**

The diploma thesis is aimed at basic demographic and genetic analyses of main european captive populations of the lesser kudu (*Tragelaphus imberbis*). Populations are compared with each other and their actual condition is evaluated. The main goal is to determine degree of breeding optimization, provide possibilities of utilization of population management goals in captivity and find some methods of solution of main problems. Demographic analyses were used for evaluating basic life values of studied populations and comparing expectations of growth rates which were reviewed in contrast to limited breeding conditions. Optimization solutions are suggested. In the genetic analyses, a survey of an actual genetic status of observed populations, rate of extant initial genetic diversity, contributions and importance of founders, descendants' genome uniqueness, kinship between individuals in the populations and possible rate of inbreeding coefficient for subsequent generations of descendants were solved. The European Lesser Kudu Studbook, programs SPARKS and PM 2000 were used for the study. The data from zoological gardens in Dvůr Králové nad Labem, Basle and Stuttgart were evaluated. Renovation of genetic material through delivery of new individuals, enlarging a living space in captivity, frequent transports, decreasing the requirements of general goals of genetic management and the possibility of breeding establishments to draw on more resources for proper breeding management were shown as the best optimization solution.

Key words: lesser kudu (*Tragelaphus imberbis*), breeding in captivity, zoological garden, demographic analysis, genetic analysis, founders, descendants, genetic diversity, inbreeding, kinship, SPARKS, PM 2000, genetic management, optimization of the breeding.

## Prohlášení

Prohlašuji, že jsem diplomovou práci vypracovala samostatně pod vedením prof. Ing. Stanislava Bureše, CSc. a RNDr. Pavla Mouchy a jen s použitím citovaných literárních pramenů.

V Olomouci ..... 2011

.....  
podpis

# Obsah

1. Úvod .....	7
2. Kudu malý ( <i>Tragelaphus imberbis</i> ) .....	9
3. Demografické a genetické analýzy populací .....	11
3.1. Demografická analýza .....	11
3.2. Genetická analýza .....	12
4. Materiál a metody .....	17
5. Výsledky .....	22
5.1. Demografické analýzy .....	22
5.1.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem .....	22
5.1.2. ZOO Basilej .....	27
5.1.3. ZOO Stuttgart .....	28
5.2. Genetické analýzy .....	29
5.2.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem .....	29
5.2.2. ZOO Basilej .....	32
5.2.3. ZOO Stuttgart .....	33
5.3. Zakladatelé .....	35
5.3.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem .....	35
5.3.2. ZOO Basilej .....	36
5.3.3. ZOO Stuttgart .....	36
5.4. Současná populace .....	37
5.4.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem .....	37
5.4.2. ZOO Basilej .....	38
5.4.3. ZOO Stuttgart .....	39
6. Diskuse .....	40
7. Souhrn .....	49
8. Literatura .....	51
Obrazová příloha .....	55

## **Poděkování**

Moje poděkování za podporu při řešení problému patří především vedoucímu mé práce prof. Ing. Stanislavu Burešovi, CSc. a RNDr. Pavlu Mouchovi, který mi poskytl dostatek materiálů a informací pro seznámení s řešenou problematikou a s prací s použitými programy.

V Olomouci ..... 2011

# 1. Úvod

Stále více druhů se v současnosti stává ohroženými. Častou příčinou je ztráta a ničení přirozených biotopů, introdukce nepůvodních druhů, znečištění a klimatické změny. Malá velikost populace a další změny (např. demografické a environmentální) zvyšují riziko vyhynutí druhu.

Hlavním důvodem, proč zakládat chovy v zajetí, je vznik možnosti zachovat druhy, které nejsou schopné přežít v jejich přirozeném prostředí. Ohrožené druhy jsou v zajetí po potřebně dlouhou dobu udržovány s co možná nejvyšším stupněm genetické diverzity a se snahou minimalizovat míru příbuznosti (Frankham, Ballou a Briscoe 2010).

Jen u terestrických obratlovců se odhaduje, že v průběhu následujících 200 let bude pro 4000-6000 druhů chov v zajetí nezbytný, aby se předešlo jejich vyhynutí. V zajetí bylo zachováno nejméně 25 zvířecích druhů potom, co tyto vyhynuly v přírodě. Populace ohrožených druhů v zajetí proto navíc slouží jako pojistka pro případ vyhynutí v přírodě. Od roku 2007 byl v zajetí založen chov pro 987 ohrožených a téměř ohrožených druhů obratlovců (Bingaman-Lackey 1999), což je čtyřnásobný nárůst od roku 1989 (Magin et al. 1994).

Programy a management chovu v zajetí pracují s nezbytnými opatřeními a postupy tak, aby zajistily přežití sledovaného druhu. Dané populace jsou zakládány na bezpečných místech *ex situ*, kde jim nehrozí ohrožení predátory, jinými kompetitory, nákaza nemocí či parazitem atd. Nedílnou součástí chovných programů je vzdělávání a zapojení veřejnosti do ochrany přírody a poskytování informací o problémových otázkách zachování druhů. Zoologické zahrady a další chovná zařízení se zároveň stávají centry možného získávání finančních prostředků a zdrojů. Zároveň poskytují zvířata pro výzkum základní biologie druhů a znalostí, které mohou být aplikovány v rámci dalšího úsilí o uchování druhů v přírodě. V konečné fázi je prioritním cílem každého chovného programu možnost vypuštění vhodných zvířat zpět do jejich přirozeného prostředí, tzn. reintrodukce.

Na počátku roku 1980 vedení zoologických zahrad vytvořilo na regionální i mezinárodní úrovni spolupracující chovné programy. Důvodem k takovému kroku byl vyvstalý problém významného nárůstu míry inbreedingu, tedy křížení mezi příbuznými jedinci v jednotlivých populacích (AZA 2007). Podstatným krokem pro správnou koordinaci populací druhů v podmínkách zajetí bylo zavedení plemenných knih. Jedná se o počítačové databáze obsahující rodokmeny a životní historii všech jedinců v dané populaci. Jsou používány

při navrhování nejrůznějších doporučení v rámci chovu. Chovaná zvířata jsou pak často přemísťována mezi institucemi, které se podílejí na optimalizaci jejich genetického prospěchu. Programy podobné spolupráce byly zavedeny v mnoha zemích a regionech (Frankham, Ballou a Briscoe 2010).

Pokud shrneme proces chovu a reintrodukce, dostaneme několik základních stupňů. Na počátku je nutné správně rozpoznat pokles populace v přírodě, založit populaci v zajetí, tu rozšířit na bezpečnou velikost, vést management se stabilní populací po několik generací, abychom následně získali jedince vhodné pro reintrodukci. Podstatou úspěšného chovu je vhodný vzorek zakladatelů s dostatečnou genetickou diverzitou a následující chov řízený směrem k předejití křížení mezi blízkce příbuznými zvířaty a k zamezení vzniku nežádoucích příbuzenských vztahů. Problémem takového chovu je genetická adaptace zvířat na podmínky v zajetí. Tyto znaky jsou sice výhodné v zajetí, zvíře s nimi však nepřežije v přirozeném prostředí (Frankham 2008). Mělo by se předcházet i nerovnoměrným příspěvkům zakladatelů a upřednostňování určitých jedinců v reprodukci. Další zásadní a stále trvající překážkou pro úspěšný chov je nedostatek životního prostoru jak ve volné přírodě tak i v zajetí oproti stále se zvyšujícímu počtu druhů, které potřebují pomoc člověka. Většina chovných zařízení se navíc potýká i s nedostatkem finančních prostředků a dalších nezbytných zdrojů.

Častou chybou při zakládání chovu je příliš malá počáteční velikost populace, ze které vybíráme zakladatele. Chov většinou začínáme realizovat až ve chvíli, kdy druhu hrozí vyhubení. Nemáme tedy dostatečný genetický základ. Proto IUCN (1987) doporučila, aby populace v zajetí byly zakládány ještě před jejím snížením v přirozeném prostředí pod 1000 jedinců.

Podstatné je dobře znát vlastnosti druhu, jeho biologické a ekologické nároky. Porozumění základním dynamikám, silám a procesům, které udržují stabilitu a existenci populací je zásadní pro správný management, pro řízení populací v zajetí tak, abychom byli schopni zodpovědět a zvážit základní otázky pro úspěšný průběh chovných programů. Populace se mění v průběhu času a odráží přitom mnoho svých demografických a genetických vlastností. Vhodným zdrojem informací jsou plemenné knihy. Data z nich nám dovolují měřit různé parametry (poslední trendy v růstu populace, věk, ve kterém jsou zvířata schopna odchovat vlastní potomky, období nejvyšší plodnosti, míra přežívání atd.). Pokud chceme úspěšně odchovávat zvířata v zajetí, musíme umět použít tato měření k predikci budoucích trendů a směrů v populaci a vytvořit model efektivnosti určitých alternativních managementových strategií. Toto je jedno ze zásadních využití plemenných knih. Pro analýzy



dat plemenných knih byly sestaveny speciální softwarové programy, jako jsou SPARKS a PM 2000.

SPARKS (Scobie 1997) (*Single Population Analysis and Records Keeping System*) poskytuje celou řadu funkcí pro úvodní analýzu sledované populace, odhaduje základní demografické i genetické parametry a slouží k vedení a zaznamenávání dat do plemenných knih. Data poskytovaná programem SPARKS mohou být použita pro další analýzy populace jinými programy, které jsou distribuovány společně s ním (Wilcken a Lees 1998). Novějším programem, který navazuje na SPARKS a dokáže pracovat s daty, které nashromáždil, je PM 2000 (*Population Management 2000*), který obsahuje celý soubor programů pro genetické a demografické analýzy, navíc přidává ještě některé nové funkce. Pomocí PM 2000 lze následně vytvořit i několik Projektů, kompletních analýz sledované populace nebo populací. Umožňuje nám získat přehled o stavu dané populace propojením s daty plemenných knih a staršího programu SPARKS. Můžeme využívat nejrůznější demografické i genetické informace, pracovat s nimi, upravovat je nebo vytvářet modely a předpokládat nejrůznější situace v populaci.

V současné době je chov kudu malého v zajetí optimalizován v rámci dostupných zdrojů, prostředků a možností jednotlivých chovných zařízení. Cílem mé práce bylo zhodnotit a porovnat základní demografické a genetické charakteristiky jednotlivých skupin kudu malého chovaných v hlavních evropských zoologických zahradách. Na základě těchto analýz potom navrhnout optimalizaci chovu kudu malého.

## **2. Kudu malý (*Tragelaphus imberbis*)**

Kudu malý (*Tragelaphus imberbis*) patří mezi středně velké africké antilopy (56 – 108 kg, 90 – 105 cm) (Estes 1991) vyskytující se především v severovýchodních oblastech Afriky od jižní Tanzanie a severovýchodní Ugandy (Stuart a Stuart 1997) přes Keňu, Somálsko až po severovýchodní Etiopii a jihovýchodní Súdán jako nejsevernější oblasti jeho rozšíření. Jedná se o druh obývajících křovinaté lokality, kde se může snadno ukrývat, k tomu mu napomáhá i nenápadné zbarvení. Ve volné přírodě je jen velmi obtížně pozorovatelný (Stuart a Stuart 1997). Kudu malý má široký potravní výběr. Živí se převážně tím, co je momentálně nejlépe dostupné, tzn. převážně listy stromů a keřů, dále kořínky, různými porosty trav a bylin, plody, semeny či drobnými větvičkami. Trávy jako zdroj potravy jsou pro něho velice důležité

v období deštů (Estes 1991, Stuart a Stuart 1997). Díky přizpůsobivosti na nejrůznější potravní zdroje nepotřebuje stálý a nutný přísun vody. Pije jen, když je voda dostupná a v období sucha vydrží bez příjmu vody i celý měsíc (Haltenorth a Diller 1996).

Nejvíce aktivní je především pozdě odpoledne, večer a brzy ráno, kdy mu hrozí nejmenší nebezpečí ze strany predátorů a může tak snáze hledat potravu. Na pastvu vychází brzy zrána a do úkrytů se vrací hned po východu slunce. Naopak po západu slunce v pastvě opět pokračuje.

Kudu malý žije převážně v malých skupinách čítajících do šesti kusů (Haltenorth a Diller 1996). Základ nejčastěji tvoří tři vedoucí samice s mláďaty, mezi nimiž jsou jasná sociální a příbuzenská pouta (nejčastěji matka – dcera). Žádná ze samic však není primárně dominantní, ve skupině nepanuje striktní hierarchie. Mezi jednotlivými zvířaty nebyl pozorován větší vzájemný fyzický kontakt, který by utužoval vztahy ve stádě (s výjimkou matek a mláďat) (Leuthold 1979, Mitchell 1977). Sdružení samic a jejich mláďat jsou ve většině případů dlouhodobá a neměnná, což je ve skupině *Tragelaphinae* nezvyklý jev. Samice mohou společně v jednom stádě přetrvat 4 – 5 let (Leuthold 1979). Nedospělí samci zůstávají s matkou až 1,5 roku, dokud se u nich dostatečně nerozvinou sekundární pohlavní znaky. Poté se oddělují a tvoří dočasné dvojice nebo stáda složená pouze z mladých samců. Dospělí samci se pohybují samotářsky v blízkém sousedství samicích skupinek. Se samicemi se sdružují pouze dočasně v době rozmnožování. Neexistuje mezi nimi téměř žádná hierarchie a k soubojům tedy nedochází tak často. Ani u jednoho z obou pohlaví nebylo zaznamenáno výraznější agresivní chování.

Kudu malý je velice plachý a pokud je i přes své nenápadné zbarvení a velmi efektivní maskování v křovinatých porostech objeven predátorem, využívá útěk jako obranu. Dokáže velmi rychle běžet, obratně se vyhýbat překážkám a skákat přitom až do dvou metrů (Estes 1991).

V současné době je kudu malý podle Červeného seznamu ohrožených druhů zařazen do kategorie druhů závislých na ochraně (*Lower Risk Conservation Dependent*) a nepatří tedy mezi kriticky ohrožené druhy. V přírodě přežívá populace, která se odhaduje na více jak 20 000 jedinců (East 1998). Kudu malý je ohrožen ilegálním lovem a stále se zmenšujícím přirozeným biotopem. V zajetí je chován od třicátých let dvacátého století a v té době se jednalo o zcela nový druh, se kterým člověk doposud neměl žádné zkušenosti. Trvalo velmi dlouho, než byl vytvořen systém správné péče o tato zvířata, aby přežila v nepřirozených podmínkách chovných zařízení, kde musela čelit mnoha nepříznivým faktorům odlišného prostředí. Zoologické zahrady se od počátku musely potýkat především s nejrůznějšími

nemocemi, kterými tato zvířata trpěla a na která nebyla nijak přizpůsobena, s vysokou mortalitou mláďat, se správnou organizací stád, venkovních výběhů i vnitřních boxů, se správným složením krmiva, umělým dokrmováním mláďat atd. Samotný kontakt zvířat s člověkem je komplikovaný. Nebylo možné se spoléhat na znalosti, které byly získány pozorováním tohoto druhu v přirozeném prostředí afrických savan, v zajetí se ke kudu malému přistupovalo zcela odlišným způsobem. Z toho důvodu se jen velmi málo zařízení odvážilo tato zvířata chovat trvale.

V současné době se chovu kudu malého profesionálně věnuje sedm zoologických zahrad po celém světě. V Evropě se jedná zejména o ZOO Basilej, Stuttgart, Hannover, Dvůr Králové nad Labem a mnoho dalších chovných zařízení včetně soukromých chovů. ZOO Dvůr Králové nad Labem je jediným stálým chovatelem kudu malého v České republice a v rámci Evropy disponuje největším stádem. Jedinci zde odchovaní putují do zařízení po celém světě. V době, kdy byla naše země považována za součást celku východního bloku bylo zamezeno komunikaci s ostatními zoologickými zahradami chovajícími kudu malého a tím znemožněno předávání cenných informací o tomto druhu. Zkušenosti s ním byly tedy skutečně velmi malé a veškeré postřehy byly získávány jen od ošetřovatelů, kteří se mohli dostat do větší blízkosti ke všem zvířatům.

### **3. Demografické a genetické analýzy populací**

#### **3.1. Demografická analýza**

Demografické analýzy populací chovaných v zajetí se opírají především o práci se základními životními hodnotami sledované populace, které charakterizují její životaschopnost a možnosti reprodukce a které jsou v průběhu let, kdy je chov veden a všechny události co nejpodrobněji zaznamenávány, zpracovávány a používány pro správný management chovu v zajetí.

Předpokládají určitý růst nebo naopak pokles populace a hodnotí vlastnosti různých věkových tříd v průběhu času. Hodnotí délku života jedinců a generací a přitom zohledňují aktuální a možný budoucí počet zvířat v populaci. Důležitými faktory uvažovanými při demografických analýzách jsou úmrtnost nebo naopak množství přežívajících jedinců v rámci jednotlivých věkových tříd, pracují s proporcemi jedinců, kteří přežili z původních novorozenců. Mezi základní životní charakteristiky, které jsou hodnocené v rámci demografických analýz, patří i plodnost zvířat v jednotlivých věkových skupinách. Hodnotí

například i to, které věkové třídy nejvíce reprodukčně přispívají do populace nebo průměrný věk jedinců populace, přičemž poukazují na určitá věková období s větší nebo menší mírou úmrtnosti. Vysoká míra juvenilní mortality může být příčinou nízké délky dožití. Abychom snížili juvenilní mortalitu a tím zabránili i snižování délky dožití, je vhodné zavést různá opatření (např. ochrana před predátory, zlepšení výživy, zdravotní opatření atd.) (Tkadlec 2008).

Míry růstu nebo poklesu populací v zajetí měřené v rámci základních demografických analýz jsou charakterizovány pomocí symetrické exponenciální ( $r$ ) nebo asymetrické geometrické ( $\lambda$ ) míry růstu. Růst je tedy buď kontinuální, rovnocenný a se stejným účinkem nebo diskrétní a ve stanovených intervalech. Tento diskrétní růst či pokles populace nám sice neumožní okamžitě posoudit vzájemný poměr poklesu a růstu, můžeme si však udělat představu o procentuálním růstu populace, exponenciální růst naopak popisuje kontinuální růst v kterémkoliv časovém okamžiku. Je také vhodné zohlednit skutečnost, že velká většina organismů se nerozmnožuje kontinuálně během celého roku, ale diskrétně, tedy jen ve vymezeném období nebo obdobích roku. Demografické vlastnosti určité populace závisí také na tom, zda se rozmnožuje sezónně formou tzv. porodních pulsů nebo kontinuálně formou tzv. porodního toku. Způsob reprodukce má vliv na distribuci jedinců v jednotlivých věkových třídách a vede k odlišným předpovědím velikosti a dalších vlastností budoucí populace (Tkadlec 2008).

Pokud porovnáваме druhy v čase, je dobré si uvědomit, že organismy se od sebe v mnohém liší (např. v délce života). I zcela stejné procesy se pak mohou zdát odlišné, protože se odehrávají na odlišných časových škálách (Tkadlec 2008).

### **3.2. Genetická analýza**

V rámci genetických analýz sledované populace se zohledňují nejrůznější faktory a vlastnosti, které charakterizují stav populace v zajetí a porovnávají ho s populacemi žijícími v přírodě. Na jejich základě můžeme zjistit, jak geneticky hodnotná je celková populace nebo jednotlivá zvířata, do jaké míry byla zachována původní genetická diverzita, jak moc je určitá populace ohrožena příbuzenským křížením, do jaké míry jsou zvířata mezi sebou příbuzná atd. Na základě těchto poznatků mohou chovná zařízení přistoupit k nezbytným opatřením pro zlepšení kvality a genetického „zdraví“ všech populací držených v zajetí.

Jedním ze sledovaných faktorů je množství zakládajících jedinců (*zakladatelů*), ze kterých jednotlivé populace vznikají. Zakladatele můžeme charakterizovat jako zvíře chycené ve volné přírodě a které má žijící potomky. Vedle toho zvíře chycené ve volné přírodě, které ale ještě potomky nemá, je označováno pouze jako potenciální zakladatel. *Příspěvek* do populace každého zakladatele, jako další hodnota zohledňovaná v rámci genetických analýz populací chovaných v zajetí, se pak měří v odpovídajícím počtu žijících potomků pocházejících z jednotlivých zakladatelů.

U populací limitovaných podmínkami zajetí (jako je omezený prostor a možnost volného pohybu, omezená možnost výběru partnera atd.) nás zajímá, kolik a v jaké míře a kvalitě se v této populaci dochovala původní genetická rozmanitost zakladatelů. K tomuto účelu slouží výpočty hodnot *FGE* a *FGS*. *FGE* (*Founder Genome Equivalents*) vyjadřuje stupeň rovnocennosti genomu současné populace vzhledem ke genomu zakladatelů, tzn. jak moc podobná bude genetická diverzita populace jedinců narozených v zajetí vzhledem k původním zakládajícím jedincům, jak moc shodná je genetická diverzita chované populace s populací žijící v přirozeném prostředí (Ballou, Lacy a Pollak 2002). Měří se tak ztráta genetické diverzity v důsledku zúžení populace a malého počtu novorozenců v dalších generacích (tzv. *bottleneck effect*: efekt hrdla láhve) a nerovnoměrného zastoupení zakladatelů, protože ne každý zakladatel přispěl stejnou měrou potomky do dalších generací. *FGS* (*Founder Genomes Surviving*) udává, v jaké míře je v současné populaci udržena původní genetická informace zakladatelů, v jaké míře je udrženo množství původního genomu prvotních zakladatelů přežívající v populaci chované v zajetí. Jde tak o měření ztráty alelické diverzity opět v důsledku malého počtu novorozenců a zúžení početnosti populace (*bottleneck effect*) (Wilcken a Lees 1998). Častěji se však setkáváme s tím, že se již v populaci žádní žijící zakladatelé nenachází, a proto ani žádné další zakladatelské alely nemohou být přidány v podobě nových potomků zakladatelů. Populace v zajetí je tím znevýhodněna, protože *FGS* nemůže být v následném chovu nadále navyšována. Na druhou stranu *FGE* lze teoreticky téměř vždy vylepšovat s podmínkou správného vedení genetického managementu populace v zajetí. Je to proto, že distribuce zakladatelských alel obvykle není v celé populaci rovnoměrná a může být zlepšena správně řízeným chovem jedinců s unikátními, vzácnými alelami. V tomto případě je takové jedince vhodné preferovat v chovu se snahou maximalizovat jejich účast v reprodukci.

Zatímco *FGS* nám říká, jak moc původního genotypu zakladatelů stále ještě existuje, neříká nám nic o tom, jak je distribuován po celé populaci. Větší nerovnoměrnost se nachází u méně různorodé populace (např. genetická informace zakladatelů může být zachována

v posledních dvou zvířatech z celé populace a ostatní jedinci mají zvýšenou hodnotu F). Toto měří genetická diverzita. *Genetická diverzita* a očekávaná heterozygotnost (heterozygotnost očekávaná v náhodně se pářící populaci) jsou synonyma, obě nabízí stejnou šanci volby dvou neidentických alel z populace. Hodnota genetické diverzity není určena v žádném druhu jednotek, které známe (Wilcken a Lees 1998).

Pro každého jedince je v průběhu genetické analýzy určité populace v zajetí zjišťován důležitý faktor, kterým je *koeficient inbreedingu (F)*. Jedná se o číslo, které udává míru pravděpodobnosti, že zvíře má dvě identické alely genu, každou od jednoho z rodičů, avšak stejného původu, tzn. pocházející ze společného předka. To se může stát pouze, pokud jsou rodiče do jisté míry příbuzní. Příbuznost mezi rodičovskými páry je u populací v zajetí běžná jako důsledek omezeného životního prostoru a nedostatku zdrojů chovu v zajetí. V tomto případě se toleruje určitý stupeň příbuznosti, který se zjišťuje pro potenciální rodičovské páry a zároveň se tak kontroluje koeficient inbreedingu jejich možných potomků. F je indikátorem ztráty heterozygotnosti v rámci jedince a zmíněný akceptovatelný rozsah koeficientu inbreedingu se pohybuje od 0 po 1. Čím vyšší je tento koeficient, tím více je zvíře inbrední (Wilcken a Lees 1998).

Dalším problémem sledovaným u populací držených v zajetí je stupeň *inbrední deprese*. Ta určuje pokles fertility a/nebo zvýšení mortality, jde vlastně o sníženou schopnost reprodukce. Jakmile chováme zvířata v limitovaném prostředí, všechna se postupně stanou vzájemně geneticky propojenými, příbuznými a časem se stane inbreeding zcela nevyhnutelnou skutečností. Stálá kontrola a výměna zvířat pro obnovu a oživení genetické výbavy a pro udržení výše zmíněných hodnot na akceptovatelných hodnotách jsou proto nezbytné pro úspěšný chov v zajetí a pro dosažení cílů genetického managementu.

Průměrný *koeficient příbuznosti MK (Mean Kinship Coefficient)* je rovněž důležitý faktor zohledňovaný u populací druhů v zajetí. Vyjadřuje průměrnou příbuznost mezi jedincem a všemi dalšími jedinci v žijící populaci potomků. Čím více má zvíře běžné geny (společné s ostatními jedinci v populaci), tím více příbuzné bude vzhledem ke všem ostatním zvířatům v populaci a tím vyšší bude jeho hodnota MK a tím méně hodnotné bude pro úspěšný chov. Naopak čím nižší je hodnota MK, tím méně je zvíře příbuzné vůči ostatním v populaci a tím vyšší genetickou hodnotu má a takové zvíře je vhodné preferovat při reprodukci. Pokud je hodnota MK nulová, znamená to, že zvíře není příbuzné k žádnému jinému žijícímu zvířeti v populaci. Zcela opačný význam má MK s hodnotou 1. Příbuznost mezi dvěma zvířaty navíc odpovídá koeficientu inbreedingu jejich potomka. Tímto způsobem (zjištění míry příbuznosti mezi potenciálními rodiči a tím i přehledu o různých hodnotách F jejich možných potomků)

lze vybrat páry nejuvhodnější pro reprodukci ve snaze udržet co možná nejvíce geneticky „zdravou“ populaci. Pokud je překročena hodnota 1, zvíře je značně inbrední, tzn. ztrácí více heterozygotnosti a genetickou diverzitu a stává se pro udržení genetického „zdraví“ nevhodné.

Není však možné zcela přesně řídit genetické složení populace. Jako příklad lze uvést už jen tu skutečnost, že každé zvíře v populaci náhodně zdědí dvě sady chromosomů od každého z rodičů a my nikdy nemůžeme alely řídit přímo. Nemůžeme vědět, která ze dvou možných alel bude přenesena z rodiče na potomka.

Dalším příkladem problému v rámci chovu v zajetí je křížení zvířete nesoucího vzácné alely se zvířetem, které s ním má alely společné a jsou tedy do jisté míry příbuzní. Takovému křížení bychom se měli vyhýbat i přesto, že oba jedinci jsou nositeli vzácných alel, které chceme udržet v populaci. Avšak potomek vzniklý tímto křížením by výsledně měl nežádoucí směsici alel. A to alely, které budeme chtít v populaci navýšit (vzácné alely) a alely, které budeme chtít naopak v populaci redukovat (alely společného původu) (Wilcken a Lees 1998).

V rámci genetických analýz populací v zajetí je zjišťována i pravděpodobnost, že určitá alela nacházející se v určitém zvířeti není zastoupena v žádném dalším jedinci. Tato pravděpodobnost se označuje jako *jedinečnosti genomu jedince GU (Genome Uniqueness)*. Vztahuje se na žijící potomky zakladatelů a zároveň na všechny žijící jedince (tzn. včetně žijících zakladatelů). Umožní získat představu, jak moc geneticky významné určité zvíře je (Wilcken a Lees 1998). Různé situace nastávají, pokud máme buď žijící nebo naopak již mrtvé zakladatele nevyskytující se v současné populaci. Pokud má určitý jedinec vysokou hodnotu GU mezi populací žijících potomků a zároveň stále žije jeden či více zakladatelů, nemusí být tato hodnota unikátnosti skutečná, protože vzácné alely potomka jsou v dané populaci stále zastoupeny v žijícím zakladateli, který navíc může své alely předávat dalším potomkům. U této hodnoty je tedy důležité zjistit, zda stále žije reprodukce schopný zakladatel, abychom získali reálný přehled, jak moc geneticky významná jednotlivá zvířata jsou.

Dalším zajímavým prvkem v rámci studované populace je, jaké množství genetického materiálu se přeneslo z každého zakladatele do současné populace, podíl celkového genomu z každého zakladatele, který je zastoupen v žijící populaci potomků (*Allele Retention*). Pokud je zakladatel stále naživu, může si svou pravděpodobnost zachování vlastní genetické informace v populaci potomků zlepšit. Potenciální uchování genomu (*Potential Retention*) nabývá větší hodnoty právě v případě, že jsou někteří zakladatelé stále živí, takže mají stále šanci předat své geny (Wilcken a Less 1998). V případě, že jsou již zakladatelé mrtví a nemají

tak už možnost dál předávat svou genetickou informaci, potenciální i aktuální zachování genomu se vzájemně rovnají.

Vedle skutečné velikosti  $N$  má každá populace i *efektivní velikost populace* ( $N_e$ ). Je to velikost ideální (panmiktické) populace (jedinci se mezi sebou páří zcela náhodně), ve které by genetické procesy selekce a driftu probíhaly stejnou rychlostí jako v reálné studované populaci. Je zpravidla menší než skutečná velikost populace. Můžeme tedy říct, že jde o velikost geneticky ideální populace, se kterou může být porovnávána populace aktuální. Tato hodnota je při genetických analýzách populací v zasetí rovněž zohledňována a používána.



## 4. Materiál a metody

Počáteční pozorování probíhala v Zoologické zahradě Dvůr Králové nad Labem v průběhu měsíce srpna 2008 pouze ve venkovním výběhu. Skupina byla složena z méně než deseti dospělých zvířat a několika mláďat různého stáří (jednoho adultního samce, sedmi adultních samic s mláďaty). Během tohoto pozorování jsem si všímala především vzhledu zvířat (charakteristických znaků, zbarvení a celkové tělesné stavby), chování celé skupiny i jednotlivých zvířat. Skupina je zachycena v obrazové příloze.

Demografické a genetické analýzy hlavních evropských populací kudu malého byly provedeny pomocí programů SPARKS (*Single Population Analysis and Records Keeping System*) a PM 2000 (*Population Management 2000*) ve spolupráci se Zoologickou zahradou ve Dvoře Králové nad Labem v roce 2010 a 2011.

V programu SPARKS byla na konci roku 2010 zaznamenána mláďata celé evropské populace držené v zajetí a narozená v roce 2009 se všemi jejich základními identifikačními údaji. Program tak doplnil nové jedince do rodokmenu a zaznamenal je v plemenné knize. Podrobné analýzy byly následně zpracovány programem PM 2000.

Před samotnou prací s PM 2000 byly vytvořeny soubory s údaji o sledované populaci získané z dlouhodobé evidence stavu populace v plemenné knize s přidáním nejaktuálnějších dat z posledního evidovaného roku 2009. Tato data zahrnují identifikační číslo každého jedince a jeho rodičů. Dále datum a místo narození, popřípadě dobu, místo a příčinu úmrtí. Zaznamenávají jsou i transporty zvířat mezi chovnými zařízeními, u samic narození mláďat. S přesností na dny je uveden i věk každého zvířete. Nejjednodušší cestou k vytvoření těchto souborů bylo využití programu SPARKS, který řídí a jednotí data plemenných knih. SPARKS tak poskytl celou řadu funkcí pro úvodní analýzu a data jím zprostředkovaná byla použita dalšími programy, které jsou společně se SPARKSem distribuovány: DEMOG zpracoval úvodní demografické analýzy, GENES úvodní genetické analýzy. Ze základního SPARKSu byla pro oba tyto programy exportována speciální data a převedena do formátu, který umí rozpoznat. SPARKS toto dělá automaticky a programy sám připravil. Na konci SPARKS zkontroloval výsledky analýz programů DEMOG a GENES. Ve výsledku byla získána úvodní demografická a genetická zpráva o celé aktuální žijící populaci, která byla zaznamenána v plemenné knize (Wilcken a Lees 1998).

Na data nashromážděná SPARKSem navázal novější PM 2000. Přemístěním všech dat z programu SPARKS do PM 2000 byly přemístěny podstatné soubory pro demografické a

genetické analýzy populace zprostředkované tímto programem. PM 2000 spojil vlastnosti celého souboru programů a přidal některé nové funkce. Před vlastním převodem mezi programy byla požadovaná data přesně určena. PM 2000 následně pracoval s jedinci, které definoval SPARKS (Lacy a Ballou 2002).

V prvním kroku práce s PM 2000 byl založen *Projekt*. Program nabídl možnost zadání vlastního názvu projektu a dat pro následnou analýzu. Potvrzením těchto úvodních údajů se vytvořil nový projekt určité populace s možností následných demografických a genetických analýz. Úvodní strana projektu zobrazila svou hlavní stránku („*Clipboard*“) se základními údaji (název projektu, datum jeho vytvoření, jméno projektanta, použité soubory s demografickými a genetickými informacemi). Úvodní strana nabízí možnost vkládání, odstraňování, přidávání nebo mazání základního textu a údajů analýzy (Lacy a Ballou 2002).

Přechodem z nabídky „*PM2000 Clipboard*“ na možnost „*Demography*“ v horní liště projektu zobrazil program možnosti demografických analýz. Oddělení demografických analýz nabídlo další lištu s nástroji pro podrobnější demografické rozborů. V pododdělení „*Male Life Table*“ a „*Female Life Table*“ byly programem na základě vložených dat populace sestaveny podrobné životní tabulky samců a samic se základními parametry udávajícími charakter a popis stavu populace: míra populačního růstu  $\lambda$  a  $r$ , generační čas  $T$ , aktuální počet jedinců  $N$ , předpokládaný počet jedinců na dobu dvaceti let ode dne hodnocení dané populace  $N_{20}$ , míra mortality  $Q_x$ , míra přežívání  $P_x$ , přeživací funkce  $l_x$ , míra plodnosti  $M_x$ , reprodukční hodnota  $V_x$  a očekávaná délka života  $E_x$ . Pro hodnoty  $V_x$ ,  $Q_x$ ,  $l_x$  a  $M_x$  vytvořil program grafy zobrazené v dalším pododdělení „*Graphs*“. Data pro tyto grafy byla převzata z hodnot propočítaných v životních tabulkách (Pollak, Lacy a Ballou 2002).

Pododdělení Demografických analýz „*Male Projection*“ a „*Female Projection*“ zobrazilo pomocí dat z životních tabulek grafy projekce růstu nebo poklesu sledované populace samců a samic v průběhu následujících 20 let. Se zohledněním stabilní i aktuální věkové struktury vznikl předpoklad zvýšení nebo snížení velikosti populace v průběhu dalších let.

V poslední části demografického rozboru „*Reproductive Planning*“ byl s pomocí programu a na základě předešlých demografických analýz vytvořen možný plán budoucí reprodukce, tzn. kolik novorozenců a rodičovských párů je třeba k dosažení námi požadované velikosti populace v požadovaném čase v limitovaných podmínkách zajištění. Zadána byla cílová hodnota velikosti populace a hodnota požadované rychlosti (nebo množství času), kterou si stanovíme a za kterou by populace měla příslušné velikosti dosáhnout. Pro výpočet byla automaticky použita hodnota populačního růstu z předchozí demografické analýzy a

upřesněn byl i počet porodů na pár v počtu 1 novorozence. Program vypočítal údaje o potřebném množství rodičovských párů a novorozenců k dosažení požadované velikosti populace v zadaném čase. Zároveň zobrazil tabulku s výpočty množství nutných párů i novorozenců, které potřebujeme každý následující rok potom, co populace dosáhne námi požadované velikosti v požadovaném čase, abychom následně udrželi populaci na námi požadované velikosti i v průběhu následujících desítek let. V úvahu je brána úmrtnost novorozenců, tabulka tedy zobrazuje čísla (množství párů a porodů), která zároveň vyváží předpokládanou mortalitu novorozenců a přežije pak potřebné množství mláďat (Pollak, Lacy a Ballou 2002). V opačném případě, tedy pokud by bylo nutné velikost populace snížit, tabulka zobrazuje negativní čísla, množství zvířat, která je potřeba vyjmout pro snížení nadpočetné populace a k dosažení její požadované velikosti.

Ve chvíli, kdy máme programem stanovené potřebné množství narození i rodičovských párů pro naši populaci, je nezbytné využít zkušenosti a znalosti o biologii, hospodaření a chování daného druhu stejně jako znalosti o samotných jedincích v populaci. Můžeme pak určit, kolik chovných párů bychom měli a jsme schopni vytvořit pro úspěšný chov.

Přechodem z nabídky „*Demography*“ na oddělení „*Genetics*“ v horní liště projektu zobrazil program možnosti genetických analýz. Ty nabídly další lištu s nástroji pro podrobnější genetické rozborů. V prvním kroku program nabízí možnost vyloučení nežádoucích zvířat z populace, kterou chceme analyzovat. V levé tabulce se objevila všechna zvířata populace včetně již nežijících jedinců. Označením zvířat, které bylo třeba vyloučit a stisknutím volby „*Remove*“ byla přenesena do pravé tabulky zahrnující jedince, kteří nebudou analyzováni. Ve chvíli, kdy je populace pro naši analýzu kompletní, stiskneme volbu „*Accept*“ (Pollak, Lacy a Ballou 2002). Program nás tímto krokem pustí k dalším analýzám.

První pododdělení genetických analýz „*Population Statistics*“ zobrazuje základní shrnutí genetického stavu a zdraví populace. Získáváme údaje o počtu zakladatelů, kteří přispěli do současné populace, kolik se dochovalo genetické diverzity, množství žijících potomků, hodnoty FGE a FGS, průměrnou hodnotu koeficientu inbreedingu F a příbuznosti MK. Ve spodní části každého pododdělení genetických analýz se zobrazují základní míry a hodnoty populace, které nám umožňují mít neustálý přehled o základním stavu populace (Pollak, Lacy a Ballou 2002).

Druhé pododdělení genetických analýz „*Founder Statistic*“ hodnotí populaci zakladatelů. Zobrazuje jejich počet a propočítává jejich genetické příspěvky do žijící populace v zajetí. Program propočítává a zobrazuje, jak moc genetického materiálu se přeneslo z každého zakladatele do současné populace, kolika potomky přispěli celkově, kolik potomků stále žije

v současné populaci. Příspěvek každého zakladatele se měří v odpovídajícím (ekvivalentním) počtu žijících zvířat pocházejících z jednotlivých zakladatelů. Zobrazení jsou případní žijící zakladatelé. Následující pododdělení „*Individual Statistics*“ hodnotí stav aktuálních jedinců v populaci. Získáváme přehled o všech zvířatech, která jsme zahrnuli do analýzy, o genetickém stavu současné populace (hodnoty GU,  $V_x$ , známý původ, potomci, ztráta alel). Pro přehled projektanta jsou znázorněny i další údaje o pohlaví, místě pobytu zvířete a ID rodičů (Pollak, Lacy a Ballou 2002).

V pododdělení „*Inbreeding*“ byly programem propočítány hodnoty koeficientu inbreedingu F analyzované populace. Vyobrazená tabulka zvlášť propočítává jednotlivé hodnoty F mezi všemi dvojicemi jedinců v populaci. Následující pododdělení „*Kinship Matrix*“ pracuje podobně, propočítává míru příbuznosti mezi kteroukoliv námi zvolenou dvojicí jedinců. Zobrazena je rozsáhlá tabulka s jednotlivými zvířaty a jejich vzájemnými hodnotami příbuznosti. Ve spodní části tohoto pododdělení se nachází volba pro rychlou kalkulaci jednotlivých párů. Obsahuje dvě tabulky, obě zahrnují všechna zvířata hodnocené populace. Zvolením dvojice požadovaných zvířat (jedno označeno v pravé a jedno v levé tabulce) program okamžitě propočítá jejich míru příbuznosti. Získáváme tak rychlou informaci, která charakterizuje vztah dvou hodnocených jedinců (Ballou, Lacy a Pollak 2002).

PM 2000 poskytuje v rámci snahy o nejvhodnější řízení chovu určité populace analýzu, která propočítává, jaká zvířata je optimální spárovat a vést k odchovu potomků. Testuje, jaký efekt bude mít toto křížení a rozmnožování na genetický status sledované populace. Pododdělení genetických analýz „*Pairings*“ umožňuje zjištění vhodných nebo naopak nevhodných rodičovských párů, jaký dopad by měly na genetický stav populace. Program zohledňuje ve dvou tabulkách zvlášť samce a zvlášť samice. Označením hodnoceného samce v první tabulce a hodnocené samice ve druhé tabulce je vytvořen možný rodičovský pár. Po potvrzení tohoto páru propočítává výsledná třetí tabulka hodnoty F potomků tohoto páru. Ještě před samotným zadáním konkrétních rodičů je nutné specifikovat, kolik mláďat připadá na jeden rodičovský pár (Pollak, Lacy a Ballou 2002). V této části genetické analýzy získáváme přehled o nejvhodnějších párech rodičů, kteří by zajistili minimální ztráty genetické diverzity a maximální předejití inbreedingu v dané populaci.

Možnost modelování genetických důsledků křížení mezi určitými jedinci v populaci tvoří základ, podle kterého jsou vybrány geneticky optimální páry v populaci (Wilcken a Lees 1998).

Pro zhodnocení, zda aktuální stav sledované populace je schopný dosáhnout obecných cílů genetického managementu, je nutné přejít do dalšího oddělení programu označeného jako „Goals“. Tato část PM 2000 zkoumá různé možnosti pro dosažení specifických genetických cílů. V prvním kroku je zadáno požadované množství genetické diverzity a čas, po který má být udrženo. Program sám automaticky nastavuje obecný cíl genetického managementu, tzn. udržení 90% genetické diverzity po dobu 100 let a zároveň zobrazuje aktuální stav populace, tzn. hodnoty  $T$ ,  $\lambda$ ,  $N$ ,  $N_e$ ,  $GD$ , maximální dovolenou velikost populace a množství nových zakladatelů. V tomto nastavení hodnotí, zda je sledovaná populace za těchto podmínek schopná dosáhnout zadaného obecného genetického cíle. Pokud ne, program ihned vypočítá a zobrazí, kolik genetické diverzity by si daná populace v průběhu zadaného času (100 let) udržela. Pokud by stav populace naopak umožňoval dosažení cíle, program by zobrazil množství jedinců k tomu potřebných. Po změně času na 1 rok a se stálým cílem udržení 90% diverzity program propočítá ztrátu genetické diverzity v rámci stanoveného časového rozmezí (za skutečnosti, že má sledovaná populace genetickou diverzitu nižší než 90%). Při zachování aktuálního stavu populace a snížením nároků genetických cílů, tzn. snížením požadované míry udržitelné genetické diverzity i času, po který má být udržitelná, vypočítá program, kolik jedinců by bylo potřeba pro tento cíl. Pro každou z těchto situací vytváří graf.

Pro vytvoření hypotetického modelu sledované populace, která by si po dobu 100 let udržela 90% genetické diverzity, byly pozměněny základní údaje populace. Zadány byly jiné hodnoty  $T$ ,  $GD$ , maximální velikosti populace a množství nových zakladatelů. Zadané hodnoty vycházely z našeho předpokladu, že tyto postačí k úspěšnému udržení daného cíle v dané populaci. Program dopočítal potřebnou  $N$  a  $N_e$  a vytvořil graf.

Všechny údaje, grafy a tabulky byly programem uloženy v počítači ve formátu zpracovatelném v programu Word.

## 5. Výsledky

Zoologické zahrady spolu s dalšími chovnými zařízeními se od počátku chovu kudu malého potýkaly s vysokou mortalitou zejména juvenilních jedinců. V průběhu let došlo k optimalizaci chovu a podrobným studiím biologických i ekologických nároků tohoto druhu. Dalšími postupy v chovu jsou rozborů a analýzy hlavních populací chovaných v jednotlivých zoologických zahradách.

### 5.1. Demografické analýzy

#### 5.1.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem

Životní tabulky současné populace samců a samic v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009 zohledňují základní hodnoty, pomocí kterých získáme přehled o aktuálním stavu a kondici sledované populace.

♂						
Věk (x)	Qx	Px	lx	Mx	Vx	Ex
0	0,540	0,460	1,000	0,000	1,370	3,761
1	0,250	0,750	0,460	0,030	2,703	5,007
2	0,220	0,780	0,350	0,310	3,811	5,252
3	0,120	0,880	0,270	1,020	4,623	5,162
4	0,140	0,860	0,240	1,060	4,502	4,780
5	0,140	0,860	0,200	1,210	4,354	4,396
6	0,290	0,710	0,180	1,290	4,326	4,295
7	0,040	0,960	0,120	1,040	4,058	4,049
8	0,130	0,870	0,120	0,920	3,584	3,328
9	0,220	0,780	0,100	1,240	3,500	2,812
10	0,450	0,550	0,080	1,990	3,620	2,667
11	0,290	0,710	0,050	1,520	2,922	2,748
12	0,400	0,600	0,030	1,320	2,295	2,631
13	0,330	0,670	0,020	1,120	1,694	2,605
14	0,500	0,500	0,010	0,450	1,038	2,667
15	0,000	1,000	0,010	0,500	0,960	2,500
16	0,000	1,000	0,010	0,500	0,500	1,500
17	1,000	0,000	0,010	0,000	0,000	1,000
18	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
19	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
20	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

r = 0,084  
lambda = 1,088  
T = 5,6  
N = 7  
N<sub>20</sub> = 37,7

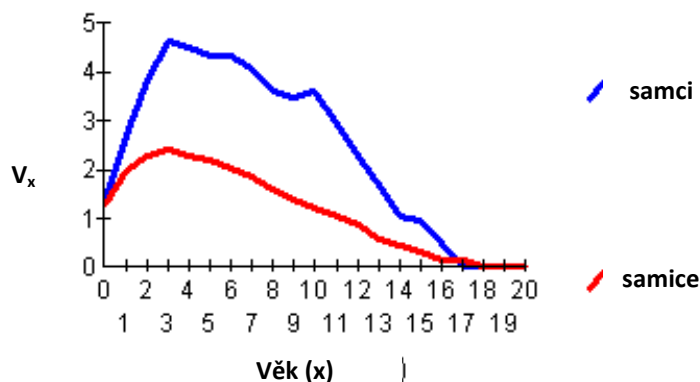
♀						
Věk (x)	Qx	Px	lx	Mx	Vx	Ex
0	0,450	0,550	1,000	0,000	1,290	6,504
1	0,100	0,900	0,550	0,010	1,998	8,164
2	0,090	0,910	0,495	0,160	2,294	7,919
3	0,060	0,940	0,450	0,360	2,411	7,485
4	0,070	0,930	0,423	0,350	2,290	6,935
5	0,090	0,910	0,394	0,440	2,201	6,448
6	0,080	0,920	0,358	0,390	2,009	5,956
7	0,100	0,900	0,330	0,450	1,857	5,444
8	0,080	0,920	0,297	0,410	1,615	4,886
9	0,100	0,900	0,273	0,400	1,382	4,268
10	0,190	0,810	0,246	0,400	1,196	3,812
11	0,250	0,750	0,199	0,390	1,062	3,591
12	0,150	0,850	0,149	0,420	0,885	3,268
13	0,170	0,830	0,127	0,280	0,577	2,697
14	0,420	0,580	0,105	0,230	0,432	2,368
15	0,270	0,730	0,061	0,230	0,333	2,154
16	0,380	0,620	0,045	0,080	0,157	1,689
17	0,600	0,400	0,028	0,150	0,150	1,286
18	1,000	0,000	0,011	0,000	0,000	1,000
19	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
20	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

r=0,043  
lambda =1,044  
T = 6,7  
N = 21  
N<sub>20</sub>=49,8

**Tab. 1. a 2.** Životní tabulky samců a samic kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) žijících v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

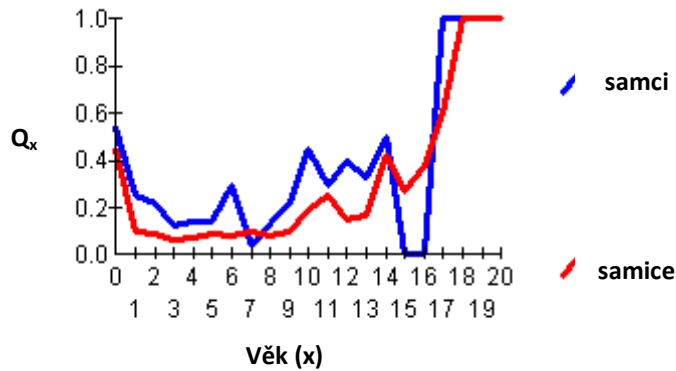
Míra růstu populace ( $\lambda$ ) samců se v tomto roce stabilizovala na hodnotě 1,088, populace samic na hodnotě 1,044. Procentuální růst samců je tedy asi 8-9%, procentuální růst samic okolo 4%. Hodnota exponenciální míry růstu ( $r$ ) dosáhla v tomto roce hodnoty 0,084 u samců a 0,043 u samic. Tato populace zahrnovala na konci roku 2009 celkem 7 samců a 21 samic. Za předpokladu zachování těchto vitálních hodnot, udržení dané stabilní populace a při zohlednění hodnot exponenciální míry růstu  $r$  se počet jedinců za dvacet let zvýší na 37,7 samců a 49,8 samic ( $N_{20}$ ).

Na Obr.1 vidíme, které věkové třídy nejvíce přispívají k růstu populace a jakou měrou ( $V_x$ ). Nejvyšší reprodukční hodnota nastává jak u samců, tak u samic mezi druhým a čtvrtým rokem života, nejnižší hodnoty v juvenilní fázi a v období stárnutí. V období stárnutí klesají až na nulovou hodnotu. Samci jsou na vrcholu reprodukce přibližně do věku deseti let, pak jejich reprodukční příspěvek prudce klesá. Naopak snižování reprodukčního příspěvku samic je pozvolnější. Samci mají vyšší hodnoty  $V_x$ , protože se mohou pářit prakticky stále a častěji tak přispívat svým genetickým materiálem než samice, které se mohou znovu pářit až po odchování mláďete.



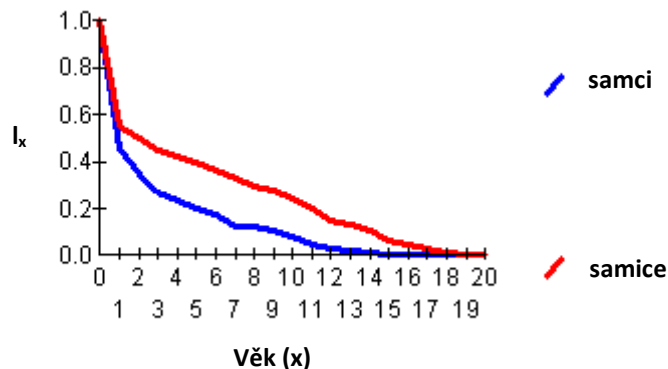
**Obr. 1.** Reprodukční hodnoty ( $V_x$ ) populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

Míra mortality ( $Q_x$ ) zobrazená na Obr. 2 je u obou pohlaví nejvyšší u novorozenců a jedinců, kteří se dožili vysokého věku. Samice mají nižší hodnoty  $Q_x$  a dožívají se častěji vyššího věku než samci.



**Obr. 2.** Míra mortality ( $Q_x$ ) populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

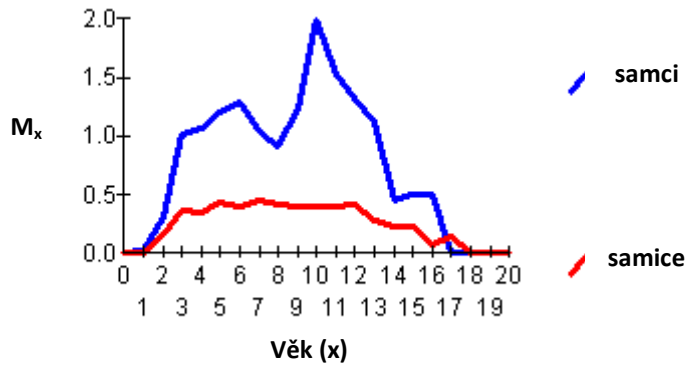
Míra přežívání ( $P_x$ ) je u samců i samic nejvyšší v prvních 15 - 16 letech života, s přibývajícím věkem se tato hodnota postupně snižuje až na konečnou nulovou hodnotu (viz Tab. 1 a 2). Obr. 3 hodnotí přežívání ( $l_x$ ), které je v roce 0 rovno hodnotě 1. Ve vyšších věkových kategoriích se proporce samců a samic přežívajících z původního počtu novorozenců opět postupně snižuje až na konečnou nulovou hodnotu.



**Obr. 3.** Přežívání ( $l_x$ ) populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

Míra plodnosti ( $M_x$ ) na Obr. 4 nabývá nulové hodnoty u novorozenců, větší hodnoty získává ve vyšších věkových kategoriích. Po překročení věku 13-14 let reprodukční schopnost zvířat opět klesá postupně až na nulovou hodnotu. Hodnoty  $M_x$  samců rychle narůstají na vyšší hodnoty, následně ale opět prudce klesají. Průběh hodnot  $M_x$  samic je pozvolnější a s nižšími hodnotami.

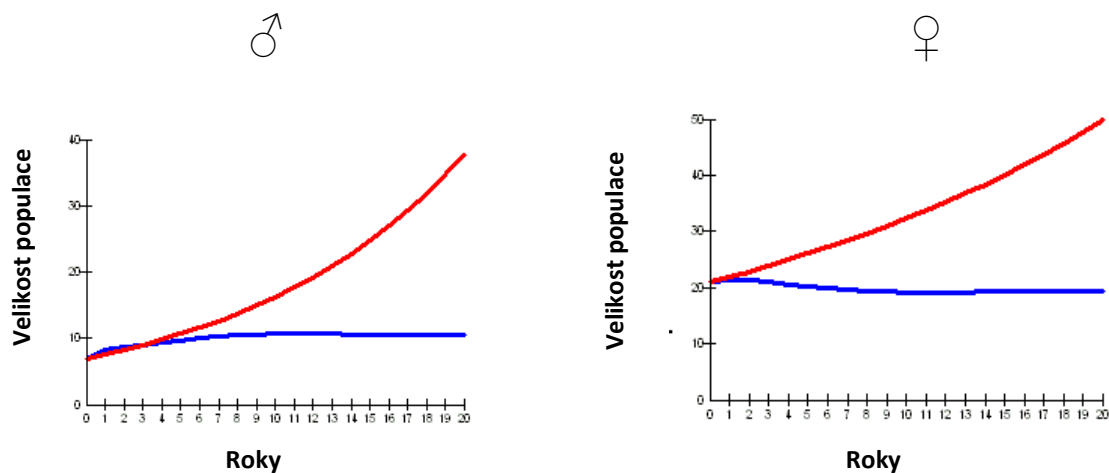




**Obr. 4.** Míra plodnosti ( $M_x$ ) populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

Také očekávaná délka života ( $E_x$ ) má nejnižší hodnoty v juvenilní fázi a v období stárnutí. S vysokým věkem klesá až na nulovou hodnotu. Největších hodnot nabývá naopak v prvních deseti letech života zvířat (viz Tab. 1 a 2).

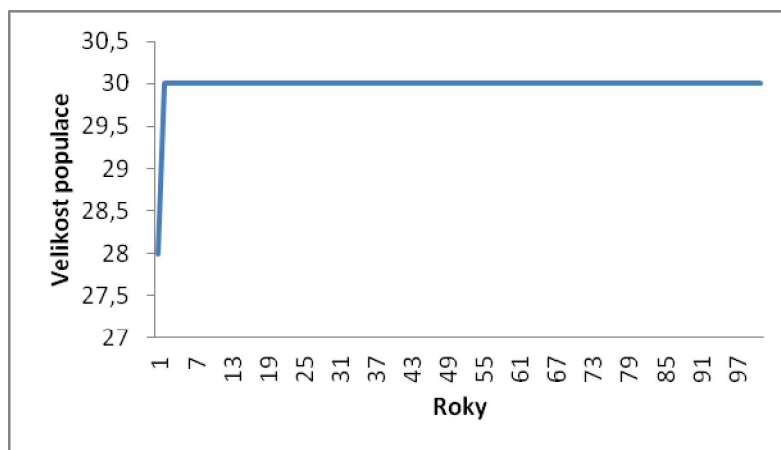
Obr. 5 a 6 hodnotí růst populace se zohledněním aktuální věkové distribuce samců a samic kudu malého v ZOO Dvůr Králové n.L. pro následujících dvacet let (za předpokladu udržení velikosti populace s horní hranicí 30 jedinců). Předpokládají postupný nárůst populace samců z počátečních 7 na konečných 10,5 jedinců a naopak pokles populace samic z počátečních 21 na konečných 19,4 jedinců. Červená křivka znázorňuje růst populace se stabilní věkovou distribucí, modrá křivka naopak růst s aktuální věkovou distribucí. Rozdíl mezi křivkami ukazuje dopad rozdílu mezi předpokládanou stabilní a skutečnou aktuální věkovou distribucí. Např. populace s méně reprodukce schopnými jedinci, než se očekává nebo pokud není dostatek prostoru pro potřebně velkou populaci, by v blízké budoucnosti mohla ve skutečnosti vést ke snížení velikosti populace a to i přesto, že životní tabulka předpokládá opak, tedy pozitivní růst populace ( $\lambda > 1$ ).



**Obr. 5. a 6.** Projekce růstu populace se zohledněním stabilní a aktuální věkové distribuce samců a samic kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. v průběhu dalších 20 let v zajetí k 31.12. 2009 .

Zejména u populací držených v zajetí, kde člověk může plně ovlivňovat všechny životní projevy daných jedinců a kde jsou životní podmínky limitovány především omezeným životním prostorem, se u druhů s malou početností v populaci může vytvořit určitý plán reprodukce v budoucnosti. Předpokladem je dostatečné množství reprodukce schopných jedinců. Tab. 3 propočítává počty jedinců kudu malého v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009 tak, abychom se dostali na námi stanovenou velikost populace (z 28 jedinců na 30) v námi stanoveném čase (1 rok) a následně ji udrželi v tomto stavu. Pokud budeme počítat s aktuální velikostí této populace, která obsahuje celkem 28 jedinců a budeme chtít v průběhu jednoho roku dosáhnout zvýšení na 30 jedinců (které umožňuje kapacita chovu v zajetí) s mírou populačního růstu pohybující se kolem hodnoty 1 ( $\lambda$ ), budeme v prvním roce práce s touto populací potřebovat 7,2 nově narozených mláďat a 14,4 rodičovských párů schopných reprodukce (pokud počítáme s mortalitou novorozenců). V následujících letech se počet potřebných novorozenců i rodičovských párů ještě navýší a v průběhu dvaceti až třiceti let se ustavuje na stabilní hodnotě 7,7 novorozenců a 15,3 chovných párů potřebných k udržení populace o 30 jedincích.

Rok	Množství novorozenců	Množství rodičovských párů
0	7,2	14,4
1	7,3	14,6
2	7,9	15,9
3	8,4	16,8
4	8,1	16,2
5	8,2	16,5
6	8,6	17,1
7	8,4	16,8
8	8,1	16,1
9	7,9	15,8
10	7,7	15,4
11	7,7	15,3
12	7,5	15,1
13	7,5	14,9
14	7,5	14,9
15	7,5	15,0
16	7,5	15,0
17	7,6	15,2
18	7,7	15,3
19	7,7	15,4
20	7,7	15,5
21	7,7	15,5
22	7,7	15,4
23	7,7	15,4
24	7,7	15,4
25	7,7	15,4
26	7,7	15,3
27	7,7	15,3
28	7,6	15,3
29	7,6	15,3
30	7,7	15,3



**Obr. 7.** Řízení reprodukce populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

**Tab. 3.** Množství novorozenců a rodičovských párů kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31. 12. 2009 pro udržení populace na stabilní velikosti 30 jedinců v prvním roce i v následujících letech.

### 5.1.2. ZOO Basilej

Populace kudu malého v zoologické zahradě v Basileji zahrnovala k 31.12. 2009 6 jedinců, 2 samce a 4 samice. Životní tabulky vykazují exponenciální míru růstu  $r$  pohybující se okolo hodnoty 0, hodnota růstu  $\lambda$  se pohybuje okolo hodnoty 1, procentuální růst samců je 8-9%, procentuální růst samic okolo 4%. Grafy pro  $V_x$ ,  $Q_x$ ,  $l_x$  a  $M_x$  vykazují stejný průběh jako v předešlé populaci. Životní tabulky se zohledněním exponenciální míry růstu předpokládají nárůst populace samců v průběhu dvaceti let na 10,8 a nárůst samic na 9,5. Projekce stavu populace se zohledněním geometrické míry růstu  $\lambda$  v příštích dvaceti letech (za předpokladu velikosti populace s horní hranicí 30 jedinců) zobrazuje pozitivní růst samců z původních 2 na 12,8 jedinců. Populace samic naopak vykazuje pokles v početnosti v prvních sedmi letech z původních 4 na 3,3 jedinců. V osmém roce počet samic opět stoupá s konečnou velikostí 5,6 jedinců po uplynutí dvaceti let. Aktuální věková distribuce v průběhu

dvaceti let předpokládá více jedinců v populaci samců než hodnoty stabilní věkové distribuce. V populaci samic aktuální věková distribuce naopak předpokládá méně jedinců než stabilní věková distribuce.

Plán reprodukce s cílem udržet si stálý stav 6 zvířat v následujícím roce doporučuje 2,4 chovných párů pro získání 1,2 novorozenců. V případě, že bychom chtěli udržet takto velkou populaci i nadále, se v následujících dvaceti až třiceti letech ustavuje počet párů na hodnotě 3,1, počet novorozenců na hodnotě 1,5.

### 5.1.3. ZOO Stuttgart

Populace kudu malého v zoologické zahradě ve Stuttgartu zahrnovala k 31.12. 2009 celkem 8 jedinců, 3 samce a 5 samic. Životní tabulky vykazují exponenciální míru růstu  $r$  pohybující se okolo hodnoty 0, hodnota růstu  $\lambda$  se pohybuje okolo hodnoty 1, procentuální růst samců je 8-9%, procentuální růst samic okolo 4%. Grafy pro  $V_x$ ,  $Q_x$ ,  $l_x$  a  $M_x$  vykazují stejný průběh jako v předešlých populacích. Životní tabulky se zohledněním exponenciální míry růstu předpokládají nárůst populace samců v průběhu dvaceti let na 16,6 a nárůst samic na 11,9. Projekce stavu populace v příštích dvaceti letech se zohledněním geometrické míry růstu  $\lambda$  (za předpokladu velikosti populace s horní hranicí 30 jedinců) vykazuje pozitivní růst samců z původních 3 na 18,4 jedinců. Populace samic roste o něco pozvolněji z počátečních 5 na konečných 11,4 jedinců ve dvacátém roce. Aktuální věková distribuce v průběhu dvaceti let předpokládá více jedinců v populaci samců než hodnoty stabilní věkové distribuce. V populaci samic aktuální i stabilní věková distribuce předpokládají přibližně stejný počet jedinců ve dvacátém roce.

Plán reprodukce s cílem udržet stav zvířat na 8 jedincích v prvním roce doporučuje 2,4 chovných párů pro získání 1,2 novorozenců. V případě, že bychom chtěli udržet takto velkou populaci i nadále, se v následujících dvaceti až třiceti letech ustavuje počet párů na hodnotě 4,1, počet novorozenců na hodnotě 2,1.

Hlavní evropské populace kudu malého chované v zajetí jsou stabilizované a optimalizované dle dostupných zdrojů. Jsou ustáleny na obdobných demografických predikcích a hodnotách.

## 5.2. Genetické analýzy

### 5.2.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem

Tab. 4 shrnuje základní genetické charakteristiky sledované populace kudu malého k 31.12. 2009.

	Současná populace
Zakladatelé	7
Žijící potomci	18,7
Známý původ (%)	66,9
Genetická diverzita	0,756
FGE	2,1
FGS	3,3
F	0,184
MK	0,244

Tab. 4. Přehled základních genetických charakteristik populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

Do současné populace v zajetí přispělo celkem 7 zakladatelů (1 samec a 6 samic), žádný z nich už v současné době nežije, proto žádné další zakladatelské alely nemohou být přidány do populace a nemůže být tedy navýšena ani FGS, ta dosahuje hodnoty 3,3. 18,7% současné populace v ZOO Dvůr Králové n.L. tvoří žijící potomci zakladatelů. Původ je známý u 66,9% populace. Největší genetický příspěvek vykazuje jediný zakládající samec. Míra genetické diverzity se dochovala s hodnotou 0,756. FGE dosáhla hodnoty 2,1. Koeficient inbreedingu sledované populace dosahuje hodnot od 0,136 až po 0,333 a v průměru 0,184. Hodnoty F, které dosáhly velikosti 0,2, lze považovat za škodlivé. Míra příbuznosti dosahuje průměrné hodnoty 0,244. Při porovnání míry příbuznosti nejstaršího zvířete se všemi ostatními jedinci se její hodnota napříč celou populací měnila a kolísala v rozmezí hodnot od 0,160 po 0,412. Žádné ze zvířat nevykazovalo míru příbuznosti s hodnotou 0 nebo naopak 1.

V populaci se nacházejí tři samci (ID: 717, 708, 706) v nejvhodnějším věku pro reprodukci. Hodnocením možného párování těchto samců s jednotlivými samicemi v populaci získáme hodnotu F předpokládaných potomků vyplývající z míry příbuznosti testovaného rodičovského páru (Tab. 5).

♀	♂		
	717	708	706
	<b>F potomků</b>		
<b>471</b>	0,228	0,213	0,229
<b>527</b>	0,223	0,218	0,188
<b>528</b>	0,181	0,393	0,184
<b>553</b>	0,225	0,222	0,190
<b>572</b>	0,192	0,202	0,263
<b>595</b>	0,198	0,206	0,155
<b>615</b>	0,198	0,206	0,155
<b>616</b>	0,193	0,201	0,220
<b>619</b>	0,213	0,289	0,172

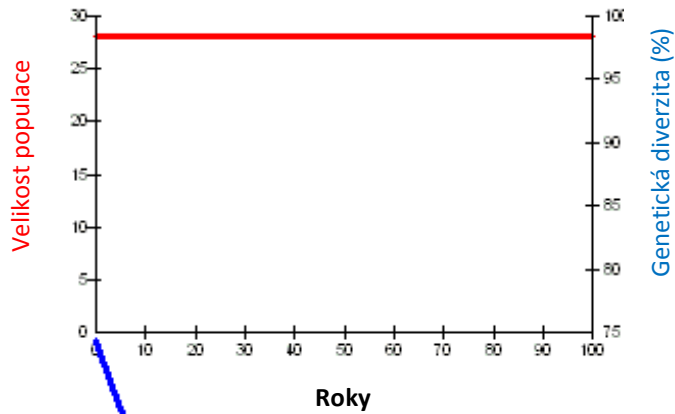
  

<b>622</b>	0,267	0,319	0,205
<b>635</b>	0,194	0,191	0,205
<b>637</b>	0,187	0,263	0,231
<b>648</b>	0,449	0,301	0,291
<b>653</b>	0,197	0,288	0,168
<b>658</b>	0,267	0,319	0,205
<b>666</b>	0,279	0,357	0,181
<b>685</b>	0,185	0,186	0,273
<b>686</b>	0,254	0,180	0,367
<b>696</b>	0,202	0,193	0,289
<b>713</b>	0,195	0,203	0,191
<b>716</b>	0,192	0,202	0,243

**Tab. 5.** Hodnoty F možných potomků párování samců a samic kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

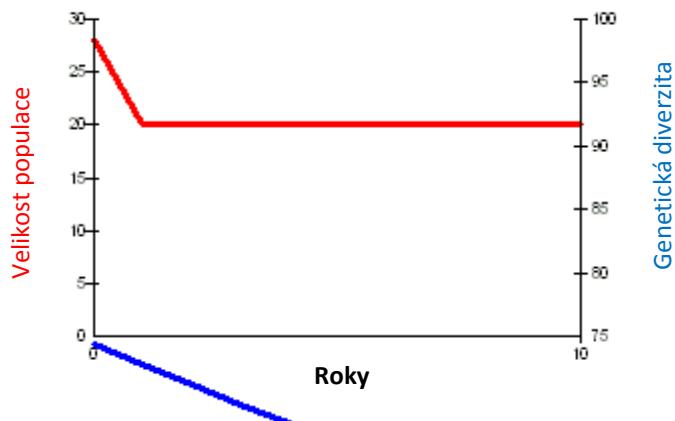
Všichni samci v páru se všemi samicemi vykazují větší nebo menší míru příbuznosti. Pro samce ID 717 se jako nejvhodnější prokázala samice ID 528, v tomto páru by měl potomek samce ID 717 nejnižší hodnotu F. Pro samce ID 708 je nejvhodnější samice ID 686 a pro samce ID 706 samice ID 595 a ID 615.

Všeobecný cíl genetického managementu udržení 90% genetické diverzity po dobu 100 let není ve sledované populaci možný, protože počáteční genetická diverzita je menší než 90%. Pokud bychom populaci stále udržovali v neměnném stavu, tzn. na počtu dvaceti osmi zvířat, nové jedince bychom čerpali z potomků předešlých generací této populace a nedodali bychom nové zakladatele pro obnovení genetické výbavy, pak je populace schopná si v tomto časovém výhledu (po uplynutí 100 let od počátečního roku počítání) a po zohlednění všech příslušných aktuálních genetických i demografických charakteristik udržet jen 16,1% diverzity z původních 75,6% (Obr. 8). Modrá křivka poukazuje na tendenci populace k výraznému poklesu genetické diverzity v případě, že bychom ji po dobu následujících let udržovali stále ve stejné kondici, jakou vyazuje v současné době. Je tedy nezbytné obměňovat počet jedinců v populaci, transportovat zvířata, dodávat nový genetický materiál, navyšovat genetickou diverzitu a hlídat míru příbuznosti mezi jedinci rodičovských párů.



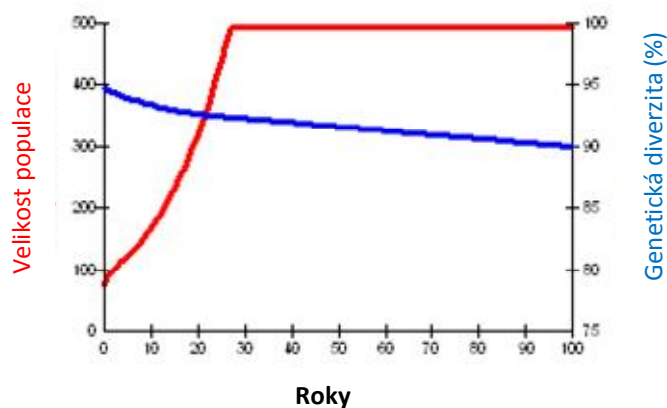
**Obr. 8.** Pokles genetické diverzity na 16,1% z počátečních 75,6% při neměnné velikosti a složení populace o 28 jedincích (populace kudu malého v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009).

V dalším roce si sledovaná populace (opět se zachováním neměnného současného stavu) udrží jen 63,9 % genetické diverzity z původních 75,6%. Sledovaná populace je schopná si za podmínek aktuálního stavu ( $T=6,1$ ,  $\lambda=1,066$ , počáteční  $N=28$  a konečnou  $N_{100}=28$ ,  $N_e=5,6$ ,  $GD=0,756$  a s žádnými novými zakladateli) udržet přibližně 60% genetické diverzity po dobu 10 let s potřebnou velikostí populace o 20 jedincích (Obr. 9).



**Obr. 9.** Udržení přibližně 60% genetické diverzity z původních 75,6% po dobu 10 let se snížením velikosti populace na 20 z původních 28 jedinců (populace kudu malého v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009).

Model hypotetické populace (Obr. 10), která si po dobu 100 let udrží 90% genetické diverzity, zahrnuje hodnoty:  $T=14$ ,  $\lambda=1,066$ , s počáteční  $N=79$  a maximální možnou konečnou  $N_{100}=500$ ,  $N_e=15,8$ ,  $GD=0,950$  a s 10 novými zakladateli. Konečná velikost populace potřebná k dosažení tohoto cíle je 495 jedinců.



**Obr. 10.** Model hypotetického stavu populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n. L. schopné udržet si 90% genetické diverzity po dobu 100 let.

Tento model je nereálný, protože skutečná populace má genetickou diverzitu menší než 90% a velikost populace potřebná k dosažení tohoto cíle o počátečních 79 a konečných 495 zvířatech není pro podmínky chovu možná. V takovém případě je nezbytné dodat nové zakladatele, jedince do populace, obnovit genetický materiál a navýšit genetickou diverzitu na 90%. Řešením je i snížení genetických cílů na hodnoty, které lze realizovat.

### 5.2.2. ZOO Basilej

Do současné populace v zajetí přispěli celkem 3 zakladatelé (1 samec a 2 samice), žádný z nich už v současnosti nežije, proto žádné další zakladatelské alely nemohou být přidány do populace a nemůže být tedy navýšena ani FGS, ta dosahuje hodnoty 1,1. 2,8% současné populace v ZOO Basilej tvoří žijící potomci zakladatelů. Původ je známý u 46,7% populace. Největší genetický příspěvek měl zakládající samec. Míra genetické diverzity se dochovala s hodnotou 0,594. FGE dosáhla hodnoty 1,2. Koeficient inbreedingu sledované populace dosahuje hodnot od 0,114 až po 0,325 a v průměru 0,222. Hodnoty F, které dosáhly velikosti 0,2, lze považovat za škodlivé. Míra příbuznosti dosahuje průměrné hodnoty 0,406. Při porovnání míry příbuznosti nejstaršího zvířete se všemi ostatními jedinci se její hodnota napříč celou populací držela v rozmezí podobných hodnot od 0,294 po 0,337. Žádné ze zvířat nevykazovalo míru příbuznosti s hodnotou 0 nebo naopak 1.

V populaci se nacházejí dva samci (ID: 694, 714), oba ve vhodném věku pro reprodukci. Hodnocením možného párování těchto samců s jednotlivými samicemi v populaci získáme hodnoty F předpokládaných potomků vyplývající z míry příbuznosti testovaného rodičovského páru. Oba samci v páru se všemi samicemi vykazují shodné míry příbuznosti.



Jako nejvhodnější se prokázaly samice ID 448 a ID 551, v těchto párech by měli potomci obou samců nejnižší hodnotu F.

Udržení 90% genetické diverzity po dobu 100 let není ve sledované populaci možné, protože počáteční genetická diverzita je menší než 90%. Pokud bychom populaci stále udržovali v neměnném stavu, tzn. na neměnném počtu šesti zvířat, nové jedince bychom čerpali z potomků předešlých generací této populace a nedodali bychom nové zakladatele pro obnovení genetické výbavy, pak si populace v tomto časovém výhledu (po uplynutí 100 let od počátečního roku počítání) a po zohlednění všech příslušných aktuálních genetických i demografických charakteristik neudrží žádnou diverzitu. Tato populace má výrazný sklon ke značnému poklesu genetické diverzity v případě, že bychom ji po dobu následujících let udržovali stále ve stejné kondici, jakou vykazuje v současné době. Je tedy nezbytné obměňovat počet jedinců v populaci, transportovat zvířata, dodávat nový genetický materiál, navyšovat genetickou diverzitu a hlídat míru příbuznosti mezi jedinci rodičovských párů.

V dalším roce si sledovaná populace se zachováním neměnného současného stavu udrží jen 17,0% genetické diverzity z původních 59,4%. Sledovaná populace je schopná si za podmínek aktuálního stavu ( $T=6,1$ ,  $\lambda=1,066$ , počáteční  $N=6$  a konečnou  $N_{100}=6$ ,  $N_e=0$ ,  $GD=0,594$  a s žádnými novými zakladateli) udržet přibližně 17% genetické diverzity po dobu 10 let s potřebnou velikostí populace o 1 jedinci.

Model hypotetické populace, která si po dobu 100 let udrží 90% genetické diverzity, nelze pro tuto populaci vytvořit. Hodnota  $N_e$  vypočítaná pro populaci k roku 2009 nabývá nulové hodnoty. Model je proto nereálný. V takovém případě je nezbytné dodat nové zakladatele, jedince do populace, obnovit genetický materiál a navýšit genetickou diverzitu na 90%. Řešením je i snížení genetických cílů na hodnoty, které lze realizovat.

### 5.2.3. ZOO Stuttgart

Do současné populace v zajetí přispělo celkem 7 zakladatelů (1 samec a 6 samic), žádný z nich už v současné době nežije, proto žádné další zakladatelské alely nemohou být do populace přidány a nemůže být tedy navýšena ani FGS, ta dosahuje hodnoty 1,8. 5,8% současné populace v ZOO Stuttgart tvoří žijící potomci zakladatelů. Původ je známý u 72,4% populace. Největší genetický příspěvek měl zakládající samec. Míra genetické diverzity se dochovala s hodnotou 0,678. FGE dosáhla hodnoty 1,6. Koeficient inbreedingu sledované populace dosahuje hodnot od 0,148 po 0,290 a v průměru 0,182. Hodnoty F, které dosáhly

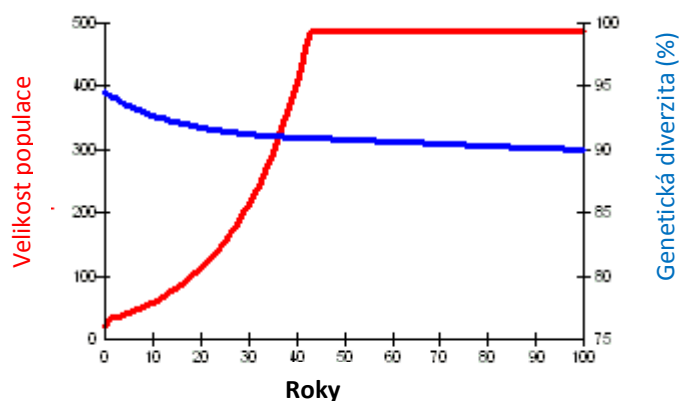
velikosti 0,2, lze považovat za škodlivé. Míra příbuznosti dosahuje průměrné hodnoty 0,323. Při porovnání míry příbuznosti nejstaršího zvířete se všemi ostatními jedinci se její hodnota napříč celou populací držela v rozmezí podobných hodnot od 0,137 po 0,444. Žádné ze zvířat nevykazovalo míru příbuznosti s hodnotou 0 nebo naopak 1.

V populaci se nacházejí tři samci (ID: 627, 701,704). Hodnocením možného párování těchto samců s jednotlivými samicemi v populaci získáme hodnoty F předpokládaných potomků vyplývající z míry příbuznosti testovaného rodičovského páru. Potomci samce ID 627 vykazují nejnižší hodnoty F, nejvhodnější pro tohoto samce je samice ID 532. Potomci samce ID 701 naopak vykazují nejvyšší hodnoty F, nejvhodnější je samice ID 707. Potomci samce ID 704 vykazují střední hodnoty F ve srovnání s předešlými samci. V tomto případě je opět nejvhodnější samice ID 532.

Udržení 90% genetické diverzity po dobu 100 let není ve sledované populaci možné, protože počáteční genetická diverzita je menší než 90%. Pokud bychom populaci stále udržovali v neměnném stavu, tzn. na počtu osmi zvířat, nové jedince bychom čerpali z potomků předešlých generací této populace a nedodali bychom nové zakladatele pro obnovení genetické výbavy, pak je populace schopná si v tomto časovém výhledu (po uplynutí 100 let od počátečního roku počítání) a po zohlednění všech příslušných aktuálních genetických i demografických charakteristik udržet jen 4,4% diverzity z původních 67,8%. Tato populace vykazuje tendenci k výraznému poklesu genetické diverzity v případě, že bychom ji po dobu následujících let udržovali stále ve stejné kondici, jakou má v současné době. Je tedy nezbytné obměňovat počet jedinců v populaci, transportovat zvířata, dodávat nový genetický materiál, navyšovat genetickou diverzitu a hlídat míru příbuznosti mezi jedinci rodičovských párů.

V dalším roce si sledovaná populace se zachováním současného stavu udrží jen 50,3% genetické diverzity z původních 67,8%. Sledovaná populace je schopná si za podmínek aktuálního stavu ( $T=6,1$ ,  $\lambda=1,066$ , počáteční  $N=8$ , a konečnou  $N_{100}=8$ ,  $N_e=3,3$ ,  $GD=0,678$  a s žádnými novými zakladateli) udržet přibližně 50% genetické diverzity po dobu 10 let s potřebnou velikostí populace o 7 jedincích.

Model hypotetické populace, která si po dobu 100 let udrží 90% genetické diverzity, zahrnuje hodnoty:  $T=14$ ,  $\lambda=1,066$ , s počáteční  $N=22$  a maximální možnou konečnou  $N_{100}=500$ ,  $N_e=9$ ,  $GD=0,950$  a s 10 novými zakladateli. Konečná velikost populace potřebná k dosažení tohoto cíle je 486 jedinců (Obr. 11).



**Obr. 11** Model hypotetického stavu populace kudu malého v ZOO Stuttgart schopné udržet si 90% genetické diverzity po dobu 100 let.

Tento model je nereálný, protože skutečná populace má genetickou diverzitu menší než 90% a konečná velikost populace potřebná k dosažení tohoto cíle o 486 zvířatech není pro podmínky chovu možná. V takovém případě je nezbytné dodat nové zakladatele, jedince do populace, obnovit genetický materiál a navýšit genetickou diverzitu na 90%. Řešením je i snížení genetických cílů na hodnoty, které lze realizovat.

### 5.3. Zakladatelé

#### 5.3.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem

Uvedená tabulka (Tab. 6) znázorňuje seznam zakladatelů a údaje o jejich genetických příspěvcích pro současnou žijící a v zajetí narozenou populaci. Z celkového počtu 7 zakladatelů do současné populace přispěl 1 samec a 6 samic, žádný v současnosti nežije. Nejvíce alelické diverzity, genetického materiálu se do současné populace přeneslo a uchovalo z genetických příspěvků zakládajícího samce ID 100. Hodnoty potenciálního uchování genomu jsou stejné, protože žádný ze zakladatelů již nežije a nemají další možnost předat své geny.

Příspěvek jednotlivých zakladatelů měřený jako odpovídající počet žijících potomků je opět největší u zakládajícího samce, u zakládajících samic jsou tyto hodnoty výrazně nižší. Největší množství potomků v rámci sledované populace vykazuje zakládající samec ID 100 a samice ID 101. Vyšší hodnoty genetických příspěvků samce vyplývají z možnosti častějšího páření. Samice tak často svým genetickým materiálem přispívat nemohla, vysoký počet potomků tedy vyplývá z jejich další reprodukční úspěšnosti.

ID	♀/♂	Věk	Příspěvek	Uchovaná alelická diverzita	Potenciální alelická diverzita	Potomci
26	♀	-	1,297	0,411	0,411	14,0
100	♂	-	10,137	0,969	0,969	28,0
101	♀	-	2,219	0,487	0,487	28,0
102	♀	-	1,156	0,301	0,301	24,0
103	♀	-	2,391	0,580	0,580	24,0
104	♀	-	0,594	0,197	0,197	11,0
106	♀	-	0,937	0,322	0,322	18,0

Tab. 6 Genetické příspěvky zakladatelů populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L.

### 5.3.2. ZOO Basilej

Z celkového počtu 3 zakladatelů do současné populace přispěl 1 samec a 2 samice, žádný v současnosti nežije. Zakládajícími jedinci basilejské populace byli opět samec ID 100 a samice ID 101 a ID 26, jejich potomci byli transportováni a založili tuto populaci. Největší podíl celkového genomu, který je zastoupen v žijící populaci potomků, pochází od zakládajícího samce. Hodnota potenciálního uchování genomu má stejné hodnoty, protože žádný ze zakladatelů již nežije a nemají další možnost předat své geny. Příspěvek jednotlivých zakladatelů měřený jako odpovídající počet žijících potomků je opět největší u zakládajícího samce, u zakládajících samic jsou tyto hodnoty nižší. Celkově nejnižší hodnoty v příspěvcích do sledované populace vykazuje samice ID 101. Vyšší hodnoty genetických příspěvků samce vyplývají z možnosti častějšího páření. Samice tak často svým genetickým materiálem přispívat nemohly.

### 5.3.3. ZOO Stuttgart

Z celkového počtu 7 zakladatelů do současné populace přispěl 1 samec a 6 samic, jedná se o ty samé zakladatele pocházející z královédvorské zoologické zahrady, kteří svými potomky přispěli a založili tuto populaci. Nejvíce alelické diverzity, genetického materiálu se do současné populace přeneslo a uchovalo z genetických příspěvků zakládajícího samce ID 100. Hodnota potenciálního uchování genomu má stejné hodnoty, protože žádný ze zakladatelů již nežije a nemají další možnost předat své geny. Příspěvek jednotlivých zakladatelů měřený jako odpovídající počet žijících potomků je opět největší u zakládajícího samce, u zakládajících samic jsou tyto hodnoty výrazně nižší. Množství potomků v rámci této populace je u všech jedinců vyrovnané s výjimkou samice ID 106, která vykazuje nejnižší příspěvky. Vyšší hodnoty genetických příspěvků samce vyplývají z možnosti častějšího páření. Samice tak často svým genetickým materiálem přispívat nemohly, podobný počet potomků tedy

vyplývá z jejich reprodukční úspěšnosti. Celkové hodnoty genetických příspěvků zakladatelů jsou v této populaci nižší než v rámci královédvorské populace.

ID	♀/♂	Věk	Příspěvek	Uchovaná alelická diverzita	Potenciální alelická diverzita	Potomci
26	♀	-	0,867	0,279	0,279	7,0
100	♂	-	3,043	0,751	0,751	8,0
101	♀	-	0,484	0,178	0,178	7,0
102	♀	-	0,266	0,113	0,113	7,0
103	♀	-	0,773	0,300	0,300	8,0
104	♀	-	0,297	0,144	0,144	7,0
106	♀	-	0,062	0,033	0,033	3,0

Tab. 7 Genetické příspěvky zakladatelů populace kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Stuttgart.

## 5.4. Současná populace

### 5.4.1. ZOO Dvůr Králové nad Labem

Populace kudu malého v ZOO Dvůr Králové n.L. zahrnovala k 31.12. 2009 28 jedinců, 7 samců a 21 samic. Tab. 8 zobrazuje základní vlastnosti a charakteristiky každého jedince z této populace. Propočítávaná míra jedinečnosti genomu (GU) je pravděpodobnost, že určitá alela nacházející se v určitém zvířeti není zastoupena v žádném jiném zvířeti v populaci. To nám umožní získání představ, jak moc geneticky významné dané zvíře je. Jako výsledek analýzy dostáváme podíl alel jedinečných v populaci potomků a vedle toho i podíl alel jedinečných v celé žijící populaci (tzn. včetně případných žijících zakladatelů). Hodnoty těchto podílů se shodují, protože žádný ze zakladatelů již nežije, nemohou tak ovlivňovat unikátnost alel potomků. Podíl alel jedinečných v populaci potomků je různý, jako nejunikátnější se jeví samec ID 678 s GU= 0,113 a jako nejméně unikátní jedinci s nulovými hodnotami.

Pravděpodobnost, s jakou může jedinec ztratit určitou alelu a která je založena na předpokládaném reprodukčním výstupu (reprodukční hodnotě  $V_x$ ) zvířete, je vyšší u jedinců s nižšími hodnotami  $V_x$  a naopak. Míra známého původu zvířete se pohybuje v rozmezí 40,6 - 89,1%. Množství potomků jedinců sledované populace se pohybuje od 17 u samce ID 524 po jedince, kteří zatím žádné potomky nemají.

ID	♀/♂	V <sub>x</sub>	Známý původ (%)	GU v celé žijící populaci	GU v populaci potomků	Pravděpodobnost ztráty alely	Potomci
471	♀	0,580	87,5	0,014	0,014	0,008	7,0
524	♂	2,920	75,0	0,009	0,009	0,000	17,0
527	♀	1,060	46,9	0,039	0,039	0,010	5,0
528	♀	1,060	53,1	0,021	0,021	0,005	5,0
553	♀	1,200	56,3	0,059	0,059	0,012	0,0
572	♀	1,620	76,6	0,013	0,013	0,002	5,0
595	♀	1,620	56,3	0,029	0,029	0,004	3,0
601	♂	3,580	70,3	0,018	0,018	0,000	0,0
615	♀	1,860	56,3	0,054	0,054	0,005	1,0
616	♀	2,010	68,8	0,073	0,073	0,005	0,0
619	♀	1,860	40,6	0,020	0,020	0,002	0,0
622	♀	1,860	81,3	0,000	0,000	0,001	0,0
628	♂	4,060	44,5	0,045	0,045	0,001	1,0
635	♀	1,860	64,8	0,080	0,080	0,006	0,0
637	♀	2,010	64,8	0,006	0,006	0,001	1,0
648	♀	2,200	84,4	0,009	0,009	0,001	1,0
653	♀	2,200	60,9	0,052	0,052	0,003	0,0
658	♀	2,200	81,3	0,000	0,000	0,000	0,0
666	♀	2,200	60,9	0,000	0,000	0,000	0,0
678	♂	4,350	44,5	0,113	0,113	0,000	0,0
685	♀	2,290	70,3	0,020	0,020	0,001	0,0
686	♀	2,290	89,1	0,027	0,027	0,001	0,0
696	♀	2,410	85,9	0,001	0,001	0,000	0,0
706	♂	4,620	89,1	0,026	0,026	0,000	0,0
708	♂	4,620	64,1	0,000	0,000	0,000	0,0
713	♀	2,410	62,5	0,020	0,020	0,001	0,0
716	♀	2,290	72,7	0,014	0,014	0,001	0,0
717	♂	3,810	64,5	0,000	0,000	0,000	0,0

Tab. 8 Genetický stav žijících jedinců kudu malého (*Tragelaphus imberbis*) v ZOO Dvůr Králové n.L. k 31.12. 2009.

#### 5.4.2. ZOO Basilej

Populace kudu malého v ZOO Basilej zahrnovala k 31.12. 2009 6 jedinců, 2 samce a 4 samice. Hodnoty alel jedinečných v populaci potomků a alel jedinečných v celé žijící populaci se shodují, protože žádný ze zakladatelů již nežije, nemohou tak ovlivňovat unikátnost alel potomků. Podíl alel jedinečných v populaci potomků je různý, jako nejunikátnější se jeví samice ID 593 s GU= 0,216 a jako nejméně unikátní samec ID 714 s GU= 0,020.

Pravděpodobnost, s jakou může jedinec ztratit určitou alelu a která je založena na pravděpodobném reprodukčním výstupu (reprodukční hodnotě V<sub>x</sub>) zvířete, je vyšší u jedinců s nižšími hodnotami V<sub>x</sub> a naopak. Míra známého původu zvířete se pohybuje v rozmezí 43,8 – 57,0%. Potomky mají tři jedinci z populace v počtu 9 (samice ID 488), 5 (samice ID 538) a 4 (samice ID 593).

#### 5.4.3. ZOO Stuttgart

Populace kudu malého v ZOO Stuttgart zahrnovala k 31.12. 2009 8 jedinců, 3 samce a 5 samic. Hodnoty alel jedinečných v populaci potomků a alel jedinečných v celé žijící populaci se shodují, protože žádný ze zakladatelů již nežije, nemohou tak ovlivňovat unikátnost alel potomků. Podíl alel jedinečných v populaci potomků je různý, jako nejunikátnější se jeví samec ID 627 s  $GU = 0,137$  a jako nejméně unikátní jedinci s nulovými hodnotami (samec ID 704 a samice ID 707).

Pravděpodobnost, s jakou může jedinec ztratit určitou alelu a která je založená na pravděpodobném reprodukčním výstupu (reprodukční hodnotě  $V_x$ ) zvířete, je vyšší u jedinců s nižšími hodnotami  $V_x$  a naopak. Míra známého původu zvířete se pohybuje v rozmezí 64,8 – 84,4%. Množství potomků jedinců sledované populace se pohybuje od 5 u samice ID 532 po 2 potomky u samice ID 617 a samce ID 627, 1 potomka má samice ID 657, ostatní jedinci v populaci zatím žádné potomky nemají.

## 6. Diskuse

Současný stav populací kudu malého chovaných v zajetí je odvozen od mnoha předešlých faktorů, které působily na populace jejich zakladatelů a všechny následující generace až do současnosti. Frankham, Ballou a Briscoe (2010) uvádí, že hlavním důvodem, proč zakládat chovy v zajetí, je možnost zachovat druhy, které nejsou schopné přežít v přirozeném prostředí. V zajetí jsou pak chovány po potřebně dlouhou dobu a udržovány s co možná nejvyšším stupněm genetické diverzity a se snahou minimalizovat vzájemnou příbuznost.

Chov v zajetí se může zdát jako dobré řešení záchranu druhů. Na druhou stranu není možné v podmínkách chovu, které jsou zejména kapacitně a finančně omezené, zajistit přirozený růst a rozvoj populací. V důsledku toho může nastat situace, kdy ve vlídnějších podmínkách zajetí populace spíše neprosperuje, než aby zlepšovala svou kondici, jak ukazují i výsledné analýzy populace kudu malého.

Nezbytná opatření a postupy napomáhající zachování druhů shrnuje IUCN (1987).

Význam a postoje k populacím zvířat zoologických zahrad se začaly výrazně měnit v roce 1970 (Ginsberg 1993). Jedním z důvodů byl pokles početnosti divokých populací. Legislativy různých zemí proto přijaly opatření pro omezení obchodu s ohroženými druhy (CITES 2007). Byly stanoveny normy, kterých by mělo být dosaženo ve všech zahradách a akváriích v rámci správného řízení populací a prosperity zvířat, ale také v rámci vzdělávání, výzkumu a přístupu veřejnosti (Seal 1991).

Současné zoologické zahrady stránku vzdělávání a zpřístupnění zvířat pro veřejnost výrazně uplatňují v rámci svého managementu a řízení chovů. Zájem veřejnosti, která je nezbytným prostředkem finančních zdrojů, je významným faktorem pro chod a existenci zoologických zahrad jako institucí výrazně se podílejících na záchraně druhů. Tato ekonomická stránka chovu v zajetí se pak většinou opírá o větší atraktivitu některých zvířat. S tím je spojena i skutečnost, že se získané prostředky vkládají jen do populací určitých druhů a méně atraktivní zvířata jsou opomíjena. To může vést ke zhoršení celkového stavu dané populace. Příkladem je opět kudu malý, kde provedené analýzy dokládají viditelné zhoršení stavu populace tohoto druhu.

Bingaman-Lackey (1999) uvádí, že od roku 2007 byl v zajetí založen chov pro 987 ohrožených druhů obratlovců, což je čtyřnásobný nárůst od roku 1989 (Magin et al. 1994). ISIS (2007) uvádí informace o 2 milionech zvířat z 10 000 druhů, 650 zoologických zahrad a přírodních parků ve více než 70 zemích.



Frankham, Ballou a Briscoe (2010) uvádí, že cílem každého chovu by mělo být znovunavrácení zvířat do jejich přirozeného prostředí.

Zachovat v zajetí jedince vhodné pro reintrodukcii je těžký úkol. Zvířata jsou omezená prostorem, možnostmi volného pohybu, nemohou si sama vybírat partnery k páření. Jsou vystavena novým neznámým stresovým faktorům. Na druhou stranu se dostávají do prostředí bez predátorů nebo potravních kompetitorů. Jejich chování, vlastnosti i celkový fyzický stav se musí dříve nebo později změnit.

Řešením hrozby vyhynutí některých druhů v přírodě se stalo okamžité založení jejich chovu v zajetí. Problém to sice částečně vyřešilo, na druhou stranu lidé neměli žádné znalosti o biologických a ekologických nárocích druhu. Nevědělo se o existenci poddruhů morfologicky mnohdy zcela nerozlišitelných a i přes současný mohutný rozvoj věd opírajících se o podrobné genetické rozborů a analýzy, je tato efektivní metoda, která by jistě výrazně pomohla chovu v zajetí, finančně nepřístupná.

Ruokonen et al. (2007) dokládají, že nevědomé křížení různých poddruhů nebo druhů snížilo ochránářskou hodnotu mnoha programů, např. programy pro orangutany, žirafy, chápany, gibbony, lvy, tygry a husy malé. Existence dvou poddruhů kudu malého jsou rovněž problémem a příčinou, proč se nedovází nová zvířata z volné přírody. Nedovoluje to strach ze zkřížení dvou poddruhů a nedostatek financí pro genetické analýzy populací v přírodě i v zajetí. Od počátku chovu tohoto druhu proto docházelo jen k transportům zvířat mezi chovnými zařízeními a nebyli dodáni žádní noví zakladatelé, kteří by napomohli navýšení nízké genetické diverzity.

Podle některých doporučení by počet zakladatelů měl zajišťovat 95% spolehlivosti zachycení heterozygotnosti a všechny alely by se měly vyskytovat s frekvencí větší než 0,05 v náhodném lokusu (Marshall a Brown 1975). Nejméně 30 zakladatelů je nezbytných pro splnění tohoto doporučení (Frankham, Ballou a Briscoe 2010). Zde nastává další zásadní problém spojený s chovem v zajetí, kterým je nedostatek prostoru. Jen málo současných zoologických zahrad má kapacitu a prostředky minimálně pro 30 zakladatelů. Aby splnily alespoň tento základní požadavek, musí se omezit jen na chov vybraných druhů z určité oblasti, pro které se snaží vytvářet co nejvhodnější podmínky. Například Zoologická zahrada ve Dvoře Králové nad Labem se více zaměřuje na africkou faunu.

Obecně je přijímána jen určitá ztráta genetické diverzity a zvýšení koeficientu inbreedingu a to ne více než o 10% v průběhu 100 let (Frankham, Ballou a Briscoe 2010). Cíle chovu v zajetí jsou však bohužel u mnoha populací nedosažitelné (malý počet zakladatelů, omezení prostorem atd.). Soulé et al. (1986) uvádějí jako původní návrh genetického managementu

udržení 90% genetické diverzity po dobu 200 let. Dnes se však tyto hodnoty ještě snížily (Frankham, Ballou a Briscoe 2010). I v případě kudu malého se prokázalo, že obecně stanovené cíle genetického managementu jsou příliš vysoké a za omezených podmínek chovu je nezbytné je snížit. Všechny analyzované populace kudu malého měly genetickou diverzitu nižší jak 90% a vykazovaly její výrazný pokles i v průběhu následujících let, pokud zůstanou v neměnném stavu. Nejsou schopné cíle genetického managementu splnit.

Bylo prokázáno, že management zaměřený na minimalizaci příbuznosti byl nejlepší z několika zkoumaných strategií pro udržení genetické diverzity (Ballou a Lacy 1995). Tato strategie zachytí více genetické diverzity než management populací s maximální snahou vyhnout se inbreedingu nebo v neřízených populacích (Montgomery et al. 1997). Jednodušeji řečeno, je mnohem lepší chovat nepříbuzná a geneticky odlišná zvířata, než vynakládat prostředky pro zamezení křížení blízce příbuzných jedinců společně žijících v určité chovné skupině.

Fernández et al. (2004) uvádějí, že hodnota průměrné příbuznosti populace je očekávaná hodnota koeficientu inbreedingu v následujících generacích potomků. Pokud je tedy minimalizovaná příbuznost, je maximalizovaná heterozygotnost v populaci, což je velmi efektivní při snaze uchování alelické diverzity. Frankham, Ballou a Briscoe (2010) dokládají, že v chovu pak upřednostňujeme jedince s nejnižší hodnotou příbuznosti a zvyšujeme jejich genetický příspěvek do dalších generací.

Na druhou stranu je rozhodně špatné v chovu upřednostňovat jen určité jedince, kteří jsou sice zprvu výborní pro chov, jsou reprodukčně zdatní a nesou dobrou genetickou výbavu. Naším cílem je však zajistit, aby i následné generace byly co nejvíce podobné původní populaci z volné přírody, aby zachovaly co nejvíce původního genomu a genetické rozmanitosti. Pokud budeme v rámci reprodukce preferovat určité jedince, stane se naše populace dříve či později geneticky uniformní i přesto, že máme zdatné a plodné jedince. Sledovaná populace kudu malého je založena na genetických příspěvcích jediného zakládajícího samce. Všechna analyzovaná zvířata proto vykazují vzájemný stupeň příbuznosti, protože chyba v upřednostnění pouze jediného plodného samce byla učiněna hned na začátku chovu.

Frankham, Ballou a Briscoe (2010) dokládají, že ztráta genetické diverzity bývá nejmenší v populacích udržovaných jako subpopulace vzniklé rozdělením jediné velké samostatné populace. Snaha minimalizovat příbuznost ve velkých populacích neřeší genetické problémy chovu v zajetí nejlépe, jako výhodnější se jeví použití rozdělených a menších subpopulací, kde je každá řízena samostatně. Autoři dále poukazují, že tuto skutečnost je důležité vzít

v úvahu, pokud má být daný druh veden k možné reintrodukci. Také u populace kudu malého bylo prokázáno, že chování jediné velké nadpočetné populace negativně působí na všechny její jedince. Po rozdělení na menší skupinky zvířat došlo ke zlepšení. Frankham, Ballou a Briscoe (2010) dokládají, že genetický management skupin je také možnost použitelná pro druhy, které ještě nepatří mezi ohrožené a stejně tak pro řízení malých populací žijících ve volné přírodě.

Pukazhenti et al. (2006) uvádějí technologie umělé inseminace, kryoprezervace a různých klonovacích technik jako možnost významného přínosu pro zachování ohrožených druhů. Johnston a Lacy (1995) poukazují, že tímto způsobem lze obejít možnost křížení mezi příbuznými jedinci a ztrátu genetické diverzity. V několika případech samice příbuzných domestikovaných druhů mohou působit jako náhradní matky.

Populace živočichů chované v zajetí jsou zdrojem jedinců pro reintrodukci a znovunavrácení daného druhu do jeho přirozeného prostředí. Reintrodukce by měla vést k založení nezávislé a soběstačné populace s bohatou genetickou diverzitou a vysokou schopností reprodukce v přirozeném prostředí. Populace v zajetí proto mají důležitou roli v záchranných programech. Kleiman et al. (2009) však poukazují, že podmínky pro reintrodukci nejsou v současné době pro většinu druhů příznivé z důvodu stále přetrvávajícího původního ohrožení (např. devastace přirozených lokalit výskytu). Můžeme se setkat se situací, kdy je populace určitého druhu v dobré kondici v zajetí a obsahuje jedince vhodné k reintrodukci. Avšak podmínky přirozeného prostředí neumožňují jejich návrat a proto se daný druh v zajetí paradoxně přemnožuje a jeho stav musí být regulován, i když mu v přírodě hrozí vyhynutí. Takovým příkladem je přimorožec chovaný i ve Dvoře Králové.

Soulé et al. (1986) poukazují na znovunavrácení mnoha druhů do původních biotopů s předpokladem nezbytného poklesu lidské populace s následným uvolněním prostoru v průběhu 100-200 let.

Přesun z přirozeného prostředí do podmínek zajetí představuje dramatickou změnu, která mění tlak selekce na populace. Ty se budou vyvíjet k adaptaci na jejich nové životní prostředí. Frankham, Ballou a Briscoe (2010) však poukazují na to, že taková adaptace je výhodná pro chov v zajetí, ale velmi škodlivá ve chvíli, kdy jsou populace znovu navraceny do jejich přirozených biotopů. Frankham (2008) uvádí, že vývojové adaptace na podmínky zajetí byly považovány za méně důležitý problém, ale nyní existují doklady, že mohou být hlavní hrozbou úspěšné reintrodukce.

Přesun do nového prostředí je velkým stresovým faktorem a mnoho zvířat jeho tlak nevydrží, nedokáže a nestihne se adaptovat. V počátcích chovu určitého druhu se proto často

setkáváme se zvýšenou mortalitou zvířat, jak se prokázalo i u kudu malého, kde přispěl i nedostatek znalostí o tomto druhu.

Frankham, Ballou a Briscoe (2010) doporučují pro minimalizaci selekce v podmínkách zajetí přizpůsobení a napodobení přirozeného prostředí nebo zamezení upřednostňovaného chovu určitých preferovaných jedinců. Prioritou je však v každém případě ustavení bezpečné a životaschopné populace ohrožených druhů prostřednictvím odstranění predátorů, kompetitorů, minimalizace parazitů, nemocí a obecně poskytnutí příznivého prostředí.

Kleiman et al. (2009) poukazují, že při zvažování reintrodukce vyvstává mnoho praktických úvah a genetika může hrát poměrně malou roli v určitých rozhodnutích. Earnhardt (1999) navíc uvádí, že ohled musí být brán na dopad reintrodukce u obou populací, jak u té v zajetí, tak u volně žijící. Přežívání a reprodukce jedinců v reintrodukované populaci musí být pečlivě monitorovány a bez důkladného vedení rodokmenu nebo monitoringu může být genetická skladba reintrodukované populace narušena (Milinkovitch et al. 2004). Beck et al. (1994) jako základní kritérium úspěšně reintrodukované populace uvádějí dosažení početnosti nejméně 500 jedinců bez zásahu člověka. Fischer a Lindenmayer (2000) klasifikují 26% uskutečněné reintrodukce a několik translokací a změn stanovišť jako úspěšné, 27% jako neúspěšné a 47% se zatím neznámým výsledkem. Frankham, Ballou a Briscoe (2010) uvádí, že poměrně nízká míra úspěchu reintrodukce není překvapující, protože některým programům nebyla poskytnuta dostatečná doba pro dosažení výsledků a některé z nich byly uspěchané. Zvířata byla často vypuštěna a zanechána bez další péče a kontroly.

WCMC (1992) a Falk et al. (1996) poukazují, že některé populace živočichů dosáhly tak nízké početnosti, že přežívají nebo přežívaly pouze v zajetí, např. přimorožec arabský (*Oryx leucoryx*), zubr (*Bison bonasus*), jelen Milu/Davidův (*Elaphurus davidianus*), kůň Převalského (*Equus przewalskii*), přimorožec šavlorohý (*Oryx dammah*), kondor kalifornský (*Gymnogyps californianus*), chřástal guamský (*Gallirallus owstoni*) atd.

Možný dopad a genetický účinek oddělených populací v zajetí lze redukovat genetickým tokem, jehož prostředkem je migrace (transport) jedinců mezi jednotlivými populacemi. Wright (1969) uvádí, že i jediný migrant za generaci může být schopný předejít úplné diferenciaci jednotlivých fragmentů bez ohledu na velikost populace. Frankham, Ballou a Briscoe (2010) poukazují na to, že populace s méně než jedním migrantem na generaci se diferencují do té míry, až se některé z nich stávají fixní pro určité alely. Aby se tomuto ve fragmentovaných populacích předešlo, je nezbytný více než jeden migrant za generaci. Jako vhodný se zdá být počet o 5, 1-10 a  $\geq 10$  migrantů za generaci (Lacy 1987; Mills a Allendorf 1996; Vucetich a Waite 2000).

I v populaci kudu malých se transport jedinců mezi oddělenými populacemi v jednotlivých chovných zařízeních ukazuje jako dobrý prostředek a náhrada přirozeného genetického toku. V roce 2008 v Zoologické zahradě ve Dvoře Králové nad Labem proběhlo celkem devět transportů kudu malého ve spolupráci s dalšími chovnými zařízeními, v roce 2009 pak bylo transportováno už jen jediné zvíře. Může se to zdát jako dostatečné množství, které by mělo zajistit prosperitu populací. Z výsledků analýz PM 2000 je však zřejmé, že to bohužel nepostačuje pro udržení geneticky „zdravých“ populací. Transporty jsou navíc dalším výrazným stresovým faktorem, který je častou příčinou úhynu zvířat a to zejména, pokud se jedná o přirozeně plaché druhy, jakým kudu bezpochyby je.

Všechny populace sledované a analyzované v předešlých částech této práce byly limitované kapacitou a velikostí prostoru chovných zařízení. Za daného nepříznivého genetického stavu těchto populací, které mají ve všech případech malou genetickou diverzitu a poměrně vysoké hodnoty vzájemné příbuznosti, by bylo třeba více prostoru pro možnost chovu většího množství zvířat. Také Tudge (1995) uvádí, že programy chovu v zajetí jsou částečným řešením, avšak i zde je chronický nedostatek prostředků. Prostor existuje pouze pro 800 druhů, ačkoliv by mohla být uvolněna některá další místa a prostory.

Franklin (1980) a Soulé (1980) dále uvádí efektivní velikosti populace s hodnotou 50, která by měla být v krátkodobém horizontu dostatečná k předejití inbrední deprese. Tato velikost populace koresponduje se zvýšením hodnoty  $F$  o 1% za generaci a malá zjistitelná inbrední deprese by zde byla po dobu 5-10 generací. Pokud tuto hodnotu porovnáme s hodnotou naměřenou u kudu malého v hlavních evropských chovech v rámci hodnocení aktuálního stavu těchto populací, kdy  $N_e$  nepřesahuje hodnotu 5,6, vykazují výrazně nižší hodnoty. V krátkodobém horizontu nejsou schopné dosáhnout hodnoty  $N_e = 50$  a proto je nezbytné snížit nároky genetického managementu.

Inbreeding narůstá s určitou rychlostí za generaci, takže všechny populace se nakonec stanou inbrední. Ve skutečnosti tu není hranice, pod kterou by inbreeding nebyl škodlivý (Frankham, Ballou a Briscoe 2010). ISIS (2007) dokládá, že nezbytná velikost populace, která by zajistila hodnotu  $N_e = 50$ , je zřetelně mnohem větší než 50 jedinců a velikost populace pro druhy chované v zajetí se pohybuje v průměru 113 jedinců pro  $N_e \sim 33$ .

Pokud tato čísla porovnááme s kapacitními možnostmi chovným zařízením na příkladu kudu malého, kde se počet zvířat pohybuje pod hranicí 30 jedinců a kde hypotetické modely předpokládají populace o velikosti kolem 500 zvířat pro dosažení obecných cílů genetického managementu, jeví se jako jediné možné řešení propojení všech chovných zařízení a vedení jednotlivých skupin jako jedné populace rozdělené na menší subpopulace.

Magin et al. (1994) uvádějí, že okolo poloviny všech populací ohrožených savců v zajetí má  $N < 50$ , což odpovídá  $N_e < 15$  (Mace 1986). To potvrzují i údaje získané z analýz programu PM 2000 pro kudu malého, kde výsledné hodnoty  $N_e$  nabývají hodnot ne vyšších než 5,6.

Volně žijící populace, které byly uvedeny jako ohrožené v letech 1985-1991, dosahovaly velikosti 100-1000 jedinců (Wilcove et al. 1993), čemuž odpovídá efektivní velikost populace  $N_e \sim 10-100$ . IUCN (2007) pro kategorizaci rizika extinkce ve volné přírodě navrhuje 50, 250 a 1000 dospělců s hodnotami  $N_e \sim 5, 25$  a 100 jako hranice pro kategorie kriticky ohrožených, ohrožených a zranitelných druhů. Analyzované populace kudu malých držených v zajetí by se v tomto případě mohly srovnat s jedinci v přírodě, kteří jsou kriticky ohrožení, protože hodnota  $N_e$  nepřesáhla hranici 5,6 jedinců. To poukazuje nejen na špatný stav těchto populací, ale i na zcela odlišné podmínky chovu v zajetí.

Frankham, Ballou a Briscoe (2010) poukazují na všeobecně panující shodu o efektivní velikosti populace v přirozených biotopech, která by v každém případě měla dosáhnout přinejmenším hodnoty 500 jedinců a rozmezí mezi 500-5000 se zdá být nezbytné pro udržení evolučního potenciálu. Většina ohrožených druhů má však velikost populace menší než 500 jedinců a efektivní velikost populace je pak ještě nižší.

Pokud bychom pak chtěli založit chov pro tyto druhy, máme malou možnost výběru vhodného množství i kvality zakladatelů. U kudu malých bylo dovezeno celkem sedmnáct jedinců z volné přírody, tři samci a čtrnáct samic. Na reprodukci se následně podílel jen jeden samec a šest samic. Tito jedinci byli nejvíce reprodukčně zdatní a dali tak základ celé evropské populaci kudu malých, čímž zároveň zajistili větší nebo menší vzájemnou příbuznost mezi všemi zvířaty. Průměrná hodnota příbuznosti sledovaných evropských skupin kudu malého vykazuje hodnoty 0,244 pro Dvůr Králové, 0,406 pro Basilej a 0,323 pro Stuttgart. Nejlépe je na tom nejpočetnější skupina, nejhorší stav vykazuje naopak skupina s nejmenším počtem zvířat, přičemž dosažení hodnoty 0,2 se považuje za škodlivé a mělo by se mu předcházet. Stav sledovaných populací je tedy špatný a v tomto případě je velmi obtížné vyhovět požadavkům genetického managementu.

Frankham, Ballou a Briscoe (2010) uvádí, že pro řízení ohrožených druhů ve volné přírodě existuje jen málo plánů s jasně definovanými cíli a genetické cíle chovu populací v zajetí přistoupily ke kompromisu, kterým je management programů uchovávajících 90% přirozené genetické diverzity po dobu 100 let. Jak je však z analýz populací kudu malého v zajetí zřejmé, je i tento cíl genetického managementu pro některé populace v zajetí zcela nerealizovatelný a je třeba ho ještě snížit.

Mnozí autoři se nakonec také shodují, že udržení 90% genetické diverzity po dobu 100 let se zdá být rozumným kompromisem, avšak problém vyvstává s nedostatečným prostorem pro umístění všech druhů, které chov v zajetí vyžadují. Tyto druhy jsou pak udržovány s menšími cíli (a s menší velikostí populace) jako důsledek nedostatku potřebných zdrojů. Analýzy populací kudu malého tento fakt opět potvrzují.

Vyšší hodnoty inbreedingu se u populací v zajetí předpokládají, jak uvádí Frankham, Ballou, Briscoe (2010). Jejich vyšší hodnoty jsou důsledkem nežádoucí míry příbuznosti mezi rodičovskými páry. I analýzy populací kudu malého v zajetí dokazují tuto skutečnost. Průměrné koeficienty inbreedingu vykazují hodnoty 0,184 ve Dvoře Králové, 0,222 v Basileji a 0,182 ve Stuttgartu, přičemž ty, které dosáhly hodnoty 0,2, se považují za škodlivé.

Frankham (2005) dokládá současnou existenci jasně evidence a důkazů inbrední deprese i u divoce žijících populací. Crnokrak a Roff (1999) dokládají 90% výskyt inbrední deprese v přírodě u 34 sledovaných taxonů. Na významnou inbrední depresi, která byla rovněž hlášena nejméně u 15 dalších taxonů, poukazuje i Frankham (2000b). Frankham, Ballou, Briscoe (2010) uvádějí, že evidence inbrední deprese je tak rozsáhlá, že výchozím předpokladem pro neprostudované druhy musí být to, že i oni ji budou s největší pravděpodobností vykazovat, pokud zde k inbreedingu skutečně dochází.

Schopnost reprodukce, přežívání a velikost vrhu obvykle více ukazují míru a dopad inbrední deprese než třeba velikost těla zvířat (Mousseau a Roff 1987; Roff a Mousseau 1987). Armbruster a Reed (2005) uvádějí míru inbrední deprese v průměru o 69% vyšší ve stresovém než ve vlídném prostředí a Crnokrak a Roff (1999) dokládají inbrední depresi savců 6,9krát vyšší pro divoce žijící populace než pro jedince v zajetí v souvislosti s výraznějším stresovým zatížením v přirozeném prostředí a s více příznivými podmínkami života v zajetí. Jak je však z analýz kudu malého zřejmé, ani chov v zajetí nemusí být pro daný druh dobrý, i když se často pokládá za více příznivý. Pokud chovná zařízení nemají dostatek zdrojů a prostředků, které by mohla čerpat pro efektivní vedení chovu, může se stav celé populace v zajetí naopak zhoršovat zvyšováním příbuznosti mezi zvířaty a ztrátou původní genetické diverzity.

O'Grady et al. (2006) uvádějí, že inbreeding interaguje se základními parametry životaschopnosti populace, jako jsou míra populačního růstu a změny v populační velikosti a tato interakce je často škodlivá u dlouhodobě uzavřených populací, i když dopady na velikost této populace nejsou zpočátku patrné.

I z analýz kudu malého jsou rovněž patrné rozdíly ve velikosti populací zohledňující různé míry růstu. Je patrné, že exponenciální míra růstu předpokládá ve všech případech růst

populací, avšak lambda předpokládá naopak i možný pokles populace. Jako příčinu této skutečnosti lze uvažovat populace s méně reprodukce schopnými jedinci (tzn. jedince s vyššími hodnotami F, MK a s nízkou hodnotou genetické diverzity), než se očekává nebo nedostatek prostoru pro potřebně velkou populaci. Pak nastává snížení velikosti populace a to i přesto, že se zprvu předpokládá pozitivní růst populace.

Určitý důkaz vážných genetických problémů izolované populace nám podávají ostrovní populace (Frankham 1998; Eldridge et al. 1999; Groombridge et al. 2000).

Reid et al. (2003), Spielman et al. (2004b) a Whiteman et al. (2006) uvádějí negativní vliv inbreedingu na všechny aspekty reprodukční fitness jako je množství potomků, přežívání mláďat, délka života, intervaly mezi jednotlivými porody, schopnost páření, množství a kvalita spermií, mateřské schopnosti, kompetitivní schopnosti, doba vývoje, imunitní odpověď a resistance proti chorobám.

McNeely et al. (1990) uvádějí tři základní důvody, proč by měla být zachována genetická diverzita: umožňuje populacím přizpůsobit se environmentálním změnám prostředí a ztráta genetické diverzity obvykle souvisí s inbreedingem a se snížením schopnosti reprodukce a přežívání. Reed a Frankham (2003) a Leimu et al. (2006) předpokládají pozitivní korelaci mezi genetickou diverzitou a fitness populace.

PM 2000 je dobrým nástrojem nejen pro vyhodnocení stavu určité populace, je zároveň i vodítkem a impulsem pro větší úsilí v rámci optimalizace celkového genofondu populace. Příkladem by mohl být i kudu malý. Zde by byla potřeba celková obnova všech zvířat v současné populaci a transport nových jedinců z volné přírody, možnost provádět genetické rozборы zvířat a v neposlední řadě i lepší spolupráce a komunikace mezi jednotlivými chovnými zařízeními.

Program PM 2000 patří mezi poměrně nové, méně známé a také méně používané programy. Tato práce jako jedna z mála obsahuje základní popis a výsledky práce s tímto programem. Není proto bohužel možné podrobnější porovnání s výsledky jiných prací.



## 7. Souhrn

Na hlavních evropských populacích kudu malého chovaného v zajetí byly provedeny základní demografické a genetické analýzy. Zhodnocen byl celkový stav, rozdíly mezi i uvnitř populací. V rámci demografických analýz byly vytvořeny a vyhodnoceny životní tabulky se základními vitálními hodnotami, byly odlišeny rozdíly mezi exponenciální a geometrickou mírou růstu. Vytvořen byl i plán reprodukce následných populací za podmínek v zajetí. Genetické analýzy zhodnotily současné i zakladatelské populace, míru uchování genetické diverzity, ohrožení inbreedingem, příbuznost mezi jedinci a koeficienty inbreedingu potomků. Zhodnocena byla schopnost populací dosáhnout obecných cílů genetického managementu a byly vytvořeny modely ideálních populací. Cílem mé práce bylo shrnout údaje úspěšnosti chovu kudu malého v zoologických zahradách, zjistit demografický a genetický status jednotlivých populací, najít hlavní problémy a navrhnout možná optimalizační řešení vedoucí k vytvoření co možná nejlepších podmínek v zajetí pro tato zvířata.

V září 1972 byla do ZOO ve Dvoře Králové nad Labem dovezena první skupinka kudu malého čítající tři samce a čtrnáct samic. V porovnání s ostatními profesionálními zařízeními v Evropě to bylo největší stádo. Jedinci v královédvorské ZOO se úspěšně rozmnožovali a v roce 1981 tvořili celou čtvrtinu všech kudu malých chovaných v zajetí. Dali základ celé evropské populaci tohoto druhu.

Hodnoceny byly celkem tři evropské populace kudu malého v Zoologických zahradách Dvůr Králové nad Labem, Basilej a Stuttgart. Tyto populace zahrnovaly 28, 6 a 8 zvířat. Všechny vykazovaly podobný průběh míry růstu a životní tabulky podávaly shodné charakteristiky a hodnoty životaschopnosti v různých věkových třídách tohoto druhu. V rámci jednotlivých populací se prokázaly rozdílné předpoklady velikosti populací se zohledněním různých měr růstu ( $r$ ,  $\lambda$ ). Byla zjištěna nízká míra genetické diverzity a poměrně vysoké hodnoty koeficientu inbreedingu a průměrné příbuznosti. Všechny sledované populace pochází ze stejné skupiny zakladatelů, vykazují tedy ve spojení s kterýmkoliv jedincem v populaci určitou míru příbuznosti. Proto zde hrozí křížení mezi příbuznými jedinci a vzrůstající míra ztráty genetické diverzity.

Řešením tohoto stavu je dodání nových jedinců a obnovení genetické výbavy populace v zajetí, zvětšení životních prostorů v podmínkách chovných zařízení, častější výměna zvířat, snížení nároků obecných cílů genetického managementu a poskytnutí více zdrojů a prostředků chovným zařízením pro možnost správného vedení chovu v zajetí. PM 2000 není zatím příliš

rozšířený a používaný, je však vhodným prostředkem pro vyhodnocení stavu určité populace a zároveň i podnětem pro větší úsilí v rámci optimalizace celkového genofondu populace.

Použité údaje byly získány z evropské plemenné knihy kudu malého (*European Lesser Kudu Studbook*) vedené ve Dvoře Králové nad Labem k 31.12. 2009. Program SPARKS byl použit k evidenci nových záznamů do plemenné knihy a k převedení nasbíraných dat do PM 2000. Program PM 2000 byl použit ke konečným celkovým demografickým a genetickým analýzám.

## 8. Literatura

1. Armbruster, P. a Reed, D.H. 2005. Inbreeding depression in benign and stressful environments. *Heredity* 95: 235-242.
2. AZA. 2007. World Association of Zoos and Aquariums. [www.aza.org](http://www.aza.org).
3. Ballou, J. a Lacy, R.C. 1995. Identifying genetically important individuals for management of genetic diversity in pedigreed populations. In: *Population Management for Survival and Recovery: Analytical Methods and Strategies in Small Population Conservation* (eds. Ballou, J., Gilpin, M. a Foose, T.), pp. 76-111.
4. Beck, B.B., Rapaport, L.G., Stanley Price, M.R., et al. 1994. Reintroduction of captive-born animals. In: *Creative Conservation: Interactive Management of Wild and Captive Animals* (eds. Olney, P.J.S., Mace, G.M. a Feistner, A.T.C.), pp. 265-286. London: Chapman & Hall.
5. Bingaman-Lackey, L. 1999. *International Giraffe Studbook*. Apple Valley, MN: ISIS.
6. CITES. 2007. Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora. [www.cites.org](http://www.cites.org).
7. Crnokrak, P. a Roof, D.A. 1999. Inbreeding depression in the wild. *Heredity* 83: 260-270.
8. Earnhardt, J.M. 1999. Reintroduction programmes: genetic trade-offs for populations. *Anim. Conserv.* 2: 279-286.
9. East, R. 1998. African Antelope Database. IUCN/SSC Antelope Specialist Group Report. 1998: 434.
10. Estes, R.D. 1991. *The Behavioural Guide to African Mammals: Including Hoofed Mammals, Carnivores and Primates*. Berkeley and Los Angeles: University of California Press.
11. Eldridge, M.D.B., King, J.M., Loupis, A.K., et al. 1999. Unprecedented low levels of genetic variation and inbreeding depression in an island population of the black-footed rock-wallaby. *Conserv. Biol.* 13: 531-541.
12. Falk, D.A., Millar, C.I. a Olwell, M. 1996. *Restoring Diversity: Strategies for Reintroduction of Endangered Plants*. Washington, DC: Island Press.
13. Fernández, J., Toro, M.A. a Caballero, A. 2004. Managing individuals' contributions to maximize the allelic diversity maintained in small, conserved populations. *Conserv. Biol.* 18: 1358-1367.
14. Fischer, J. a Lindenmayer, D.B. 2000. An assessment of the published results of animal relocations. *Biol. Conserv.* 96: 1-11.

15. Frankham, R. 1998. Inbreeding and extinction: island populations. *Conserv. Biol.* 12, 665-675.
16. Frankham, R. 2000. Genetics and conservation: commentary on Elgar & Clode. *Austral. Biologist.* 13(3), 45-54.
17. Frankham, R. 2005. Genetics and extinction. *Biol. Conserv.* 126, 131-140.
18. Frankham, R. 2008. Genetic adaptation to captivity in species conservation programs. *Mol. Ecol.* 17, 325-333.
19. Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A. 2010. *Introduction to Conservation Genetics*. USA, New York: Cambridge University Press.
20. Franklin, I.R. 1980. Evolutionary change in small populations. In: *Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective* (eds. Soulé, M.E. a Wilcoks, B.A.), pp. 135-150. Sunderland, MA: Sinauer.
21. Ginsberg, J. 1993. Can we build an ark? *Trends Ecol. Evol.* 8, 4-6.
22. Groombridge, J.J., Jones, C.G., Bruford, M.W., et al. 2000. 'Ghost' alleles of the Mauritius kestrel. *Nature* 403, 616.
23. Haltenorth, T. a Diller, H. *Mammals of Africa including Madagascar*. Harper Collins, Hong Kong. 1996: 62-63.
24. ISIS. 2007. International Species Information System. [www.isis.org](http://www.isis.org)
25. IUCN. 1987. *The IUCN Policy Statement on Captive Breeding* IUCN, Gland, Switzerland.
26. IUCN. 2007. *Red List of Endangered Species*. [www.redlist.org](http://www.redlist.org)
27. Johnston, L.A. a Lacy, R.C. 1995. Genome resource banking for species conservation: selection of sperm donors. *Kryobiology* 32, 68-77.
28. Kleiman, D.G., Thompson, K.V. a Kirk-Bauer, C. (eds.). 2009. *Wild Mammals in Captivity*. Chicago, IL: Univ. Chicago Press.
29. Lacy, R.C. 1987. Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection and population subdivision. *Conserv. Biol.* 1, 143-158.
30. Lacy, R.C. a Ballou, J.D. 2002. *Population Management User's Manual*. Chicago Zoological Society, Brookfield, IL.
31. Leimu, L., Mutikainen, P., Koricheva, J., et al. 2006. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *J. Ecol.* 94, 942-952.
32. Leuthold, W. 1979. The lesser kudu (*Tragelaphus imberbis*), ecology and behavior of an African antelope. *Saugetierkundliche Mitteilungen.* 27: 1-75.
33. Mace, G.M. 1986. Genetic management of small populations. *Int. Zoo Yb.* 24/25, 167-174.

34. Magin, C.D., Johnston, T.H. a Groombridge, B. 1994. Species extinctions, endangerment and captive breeding. In: Creative Conservation: Interactive Management of Wild and Captive Animals (eds. Olney, P.J.S., Mace, G.M. a Feistner, A.T.C.), pp. 3-31. London: Chapman & Hall.
35. Marshall, D.R a Brown, A.H.D. 1975. Optimum sampling strategies in genetic conservation. In: Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow (eds. Frankel, O.H. a Hawkes, J.G.), pp. 53-80. Cambridge, UK: Cambridge Univ. Press.
36. McNeely, J.A., Miller, K.R., Reid, W.V., et al. 1990. Conserving the World's Biological Diversity. Washington, DC: IUCN, World Resources Institute, Conservation International, WWF-US and the World Bank.
37. Milinkovitch, M.C., Monteyne, D. Gibbs, J.P., et al. 2004. Genetic analysis of a successful repatriation programme: giant Galápagos tortoises. Proc. R. Soc. Lond. B 271, 341-345.
38. Mills, L.S. a Allendorf, F.W. 1996. The one-migrant-per-generation rule in conservation and management. Conserv. Biol. 10, 1509-1518.
39. Mitchell, A. 1977. Preliminary observations on the daytime activity patterns of lesser kudu in Tsavo National Park, Kenya. E. Afr. Wildl. J. 15: 199-206.
40. Montgomery, M.E., Ballou, J.D., Nurthen, R.K., et al. 1997. Minimizing kinship in captive breeding programs. Zoo. Biol.16, 377-389.
41. Moucha, P. 2009. EAZA Lesser Kudu Studbook. Zoological Garden Dvur Kralove.
42. Mousseau, T.A. a Roff, D.A. 1987. Natural selection and the heritability of fitness components. Heredity 59, 181-197.
43. O'Grady, J.J., Brook, B.W., Reed, D.H., et al. 2006. Realistic levels of inbreeding depression strongly affect extinction risk in wild populations. Biol. Conserv. 133, 42-51.
44. Pollak, J.P., Lacy, R.C. a Ballou, J.D. 2002. Population Management 2000, version 1.163. Chicago Zoological Society, Brookfield, IL.
45. Pukazhenth, B., Comizzoli, P., Travis, A.J., et al. 2006. Applications of emerging technologies to the study and conservation of threatened and endangered species. Reprod. Fert. Dev. 18, 77-90.
46. Reed, D.H. a Frankham, R. 2003. Correlation between fitness and genetic diversity. Conserv. Biol. 17, 230-237.
47. Reid, J.M., Arcese, P. a Keller, L.F. 2003. Inbreeding depresses immune response in song sparrows (*Melospiza melodia*): direct and inter-generational effects. Proc. R. Soc. Lond. B 270, 2151-2157.

48. Roff, D.A. a Mousseau, T.A. 1987. Quantitative genetics and fitness: lessons from *Drosophila*. *Heredity* 58, 103-118.
49. Ruokonen, M., Andersson, A.C. a Tegelström, H. 2007. Using historical captive stocks in conservation: the case of the lesser white-fronted goose. *Conserv. Genet.* 8, 197-207.
50. Scobie, P. 1997. Single Population Analysis & Records Keeping System (SPARKS) 1.42. Minnesota, USA: International Species Information System (ISIS).
51. Seal, U.S. 1991. Life after extinction. In: *Beyond Captive Breeding: Re-Introducing Endangered Mammals to the Wild* (ed. Gipps, J.H.W.), pp. 39-55. Oxford, UK: Zoological Society of London.
52. Soulé, M.E. 1980. Thresholds for survival: maintaining fitness and evolutionary potential. In: *Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective* (eds. Soulé, M.E. a Wilcox, B.A.), pp. 151-169. Sunderland, MA: Sinauer.
53. Soulé, M.E., Gilpin, M., Conway, W. a Foose, T. 1986. The millenium ark: how long a voyage , how many staterooms, how many passengers? *Zoo. Biol.* 5, 101-113.
54. Spielman, D., Brook, B.W., Briscoe, D.A., et al. 2004. Does inbreeding and loss of genetic diversity reduce disease resistance? *Conserv. Genet.* 5, 439-448.
55. Stuart, C. a Stuart, T. 1997. *Field Guide to the Larger Mammals of Africa*. Cape Town: Struik.
56. Tkadlec, E. 2008. *Populační ekologie*. Olomouc: Vydavatelství UP v Olomouci.
57. Tudge, C. 1995. Captive audiences for future conservation. *New Sci.* 145(1962), 51-52.
58. Vucetich, J.A. a Waite, T.A. 2000. Is one migrant per generation sufficient for the genetic management of fluctuating populations? *Anim. Conserv.* 3, 261-266.
59. WCMC. 1992. *Global Biodiversity: Status of the Earth's Living Resources*. London: Chapman & Hall.
60. Whiteman, N.K., Matson, K.D., Bollmer, J.L., et al. 2006. Disease ecology in the Galápagos hawk (*Buteo galapagoensis*): host genetic diversity, parasite load and natural antibodies. *Proc. R. Soc. Lond. B* 273, 797-804.
61. Wilcken, J., Lees, C., et al. 1998. *Managing Zoo Populations: compiling and analysing studbook data* (eds. Wilcken, J. a Lees, C.). Australasian Regional Association of Zoological Parks and Aquaria.
62. Wilcove, D.S., McMillan, M. a Winston, K.C. 1993. What exactly is an endangered species: an analysis of the endangered species list, 1985-1991. *Conserv. Biol.* 7, 87-93.
63. Wright, S. 1969. *Evolution and the Genetics of Populations*, vol. 2, *The Theory of Gene Frequencies*. Chicago, IL: Univ. Chicago Press.

## Obrazová příloha



Obr. 1. Kudu malý – samice



Obr. 2. Kudu malý – samec



Obr. 3. Matka s mládětem



Obr. 4. Prostor venkovního výběhu





Obr. 5. Prostor venkovního výběhu - oddělení výběhů kudu malého a přimorožců



Obr. 6. Okus stromového listí