

ČESKÁ ZEMĚDĚLSKÁ UNIVERZITA V PRAZE
Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

jméno autora

Ing. Hana Vostrá Vydrová

katedra: Obecné zootechniky a etologie

název doktorské disertační práce

Populačně genetický rozbor plemene starokladrubský kůň

Population genetic analysis of Old Kladruber horse

.....
autoreferát doktorské disertační práce

Studijní program: P4103 - Zootechnika

Studijní obor: 4103V002 - Obecná zootechnika

Školitel: **doc. Ing. Mgr. Ivan Majzlík, CSc.**
katedra Obecné zootechniky a etologie

Konzultant **Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.**
pracoviště: Výzkumný ústav živočišné výroby – Praha, Uhřetěves
Ing. Barbora Hofmanová, Ph.D.
pracoviště: Česká zemědělská univerzita – Praha

Oponenti: **prof. Ing. Jindřich Čítek, CSc.**
doc. Ing. Radovan Kasarda, Ph.D.
doc. Ing. Karel Mach, CSc.

Obhajoba doktorské disertační práce se koná dne:
vhod. na: Fakultě agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů ČZU v Praze

S doktorskou disertační prací je možno se seznámit na děkanátě FAPPZ ČZU v Praze.

P r a h a 2 0 1 6

Summary

The Old Kladruber horse, along with the Lipizzaner horse, Andalusian horse and Lusitano horse, is of the original Italo-Spanish type. The Old Kladruber horse is kept in two colour varieties (grey and black). Because the population is closed, there is a concern about the loss of genetic variation. The genetic diversity and population structure were analysed in the Old Kladruber horse breed based on the pedigree information of animals that were registered in the Studbook to identify factors that may have affected the genetic variability of the breed. Pedigree records collected from 1729 to 2013 contained information on 7971 animals that were used in the analyses. The pedigree depth was up to 33 generations, with an average of 15.1 complete generations. The effective number of founders and ancestors contributing to the current genetic pool was 92.69 and 17.16, respectively. The average values of the inbreeding coefficient were as follows: 13% (with a maximum value of 29%) for the reference population (individuals that can currently take part in reproduction, $n=612$), 11% for the grey variety (with a maximum value of 25%) and 15% for the black variety (with a maximum value of 29%). The proportion of inbred animals was high (99%). The average rate of inbreeding in the reference population was 1%: 0.8% for the grey variety and 1.1% for the black variety, and the respective estimates of the effective population sizes were 52 for the reference population, 62 for the grey variety and 45 for the black variety. The estimated percentage of genetic diversity lost due to non-random mating within subpopulations and the reference population was 1.0, 1.0 and 1.2%, respectively. The total loss of genetic diversity in the reference population, in the grey variety and in the black variety was 11%, 13% and 17%, respectively.

Abstrakt

Starokladrubský kůň, spolu s plemenem lipicán, andaluský kůň a lusitano, patří mezi plemena starošpanělského a staroitalského typu a je chováno ve dvou barevných variantách (bělouši a vraníci). Protože se jedná o uzavřenou populaci, je populace ohrožena ztrátou genetické proměnlivosti. Genetická rozmanitost a populační struktura byla analyzována u starokladrubského koně na základě rodokmenových záznamů jedinců registrovaných v plemenné knize. Dále byly identifikovány faktory, které mohou ovlivnit genetickou variabilitu starokladrubského plemene. Rodokmenové záznamy použité v analýze zahrnovaly data o 7971 jedincích v rozmezí let 1729 až do roku 2013. Rodokmenové záznamy zahrnovaly 33 generací předků, s průměrnou kompletností rodokmenu 15,1. Efektivní počet zakladatelů a předků přispívajících do současného genofondu populace byl 92,69 a 17,16. Průměrné hodnoty koeficientů příbuzenské plemenitby byly následující: 13 % (s maximální hodnotou 29 %) pro referenční populaci (jedince schopné reprodukce $n=612$ jedinců), 11 % pro variantu běloušů (s maximální hodnotou 25 %) a 15% pro vranou variantu (s maximální hodnotou 29 %). Podíl inbredních jedinců v celé referenční populaci představoval 99 %. Průměrný nárůst koeficientu příbuzenské plemenitby z generace na generaci nabýval hodnot: 1% pro celou referenční populaci, 0,8 % pro variantu běloušů a 1,1 % pro variantu vraníků. Těmto hodnotám odpovídaly také hodnoty efektivní velikosti populace, které byly odhadnuty: 52 jedinců pro referenční populaci, 62 jedinců pro bílou variantu a 45 jedinců pro variantu vraníků. Odhadnuté ztráty genetické rozmanitosti z důvodu nenáhodného páření uvnitř sledované populace a barevných subpopulací byly 1 % pro celou referenční populaci a pro variantu běloušů a 1,2 % pro variantu vraníků. Celková ztráta genetické rozmanitosti pro celou referenční populaci a pro variantu běloušů a vraníků dosahovaly hodnot 11 %, 13% a 17%.

Obsah

Obsah

Ing. Hana Vostrá Vydrová	1
Summary	2
Abstrakt.....	3
Obsah	4

Přehled o současném stavu poznání

Ochrana ohrožených druhů zvířat je jedním z nejdůležitějších cílů pro současné biologické vědní odvětví, zvláště z pohledu udržení přirozeného ekosystému. V případě domestikovaných zvířat je konzervační program obvykle zahájen u plemen, která představují jedinečné genetické a fenotypové vlastnosti. Tradiční šlechtitelské programy jsou hlavně založeny na selekci za účelem zlepšení ekonomicky důležitých vlastností. Důsledkem této selekce je omezení genetické proměnlivosti dané populace. Tudíž konzervační programy je potřeba zaměřit na plemena či druhy zvířat, které mají zachovanou významnou část genetické proměnlivosti (FAO, 2000). Wade et al. (2009) uvádí, že speciálně u koní byl zánik řady plemen částečně zapříčiněn klesajícím zájmem o pracovní koně a zvýšeným zájmem o koně jezdecké. Vicente et al. (2014) také uvádí, že na pokles stavu a rozmanitosti původních plemen koní mají hlavně vliv světové války a dále mechanizace zemědělství v druhé polovině 20. století, politická rozhodnutí a omezení v oblasti chovu koní, nekontrolovatelné křížení s ostatními plemeny, atd. Tyto faktory ovlivnily vznik tzv. efektu hrdla láhve (bottleneck) (Vicente et al., 2012). Efekt hrdla láhve vzniká při náhlém snížení počtu jedinců účastnících se reprodukce, které vede k výraznému snížení početnosti populace. Tato populace může během následujících generací obnovit svoji početnost, avšak vlivem genového posunu může dojít k podstatné změně genetické skladby této populace (Relichová, 2009).

I přes dlouhou tradici chovu koní starokladrubského plemene a značné úsilí plemenářské práce byly početní stavy starokladrubského koně stále nízké a současná populace je odvozena z nízkého počtu předků. Proto je velmi důležité hodnocení příbuzenské plemenitby s ohledem na ztrátu genetické rozmanitosti právě u takto nízkých početných populací.

Analýza rodokmenových údajů je jednou z možností popisu genetické rozmanitosti a jejího vývoje během generací (Boichard et al., 1997). Metoda je založená na vztahu mezi přírůstkem hodnoty koeficientu příbuzenské plemenitby a poklesem heterozygotnosti určitého lokusu v dané populaci (Kadlečík, 2008). Charakteristiky hodnotící genetickou rozmanitost na podkladě rodokmenových informací jsou velmi citlivé na kvalitu podkladových údajů a do značné míry závisí na jejich úplnosti. Struktura rodokmenů, počet a úplnost zaznamenaných generací předků má významnou úlohu při odhadu jednotlivých populačně genetických charakteristik (Baumung a Sölkner, 2003). Mezi nejdůležitější ukazatele hodnotící genetickou rozmanitost na základě rodokmenových informací patří koeficient příbuznosti mezi dvěma jedinci a koeficient příbuzenské plemenitby.

Jednou z významných prací, zabývajících se genetickou analýzou s využitím rodokmenových

informací u starokladrubskeho koně, je studie uskutečněná Jakubcem et al., (2009). Tato studie zkoumá genetickou rozmanitost v desetiletém intervalu, v letech 1993 a 2003. Ze studie vyplývá, že genetická proměnlivost, hodnocená na základě poklesu koeficientu příbuzenské plemenitby, se u starokladrubskeho plemene zvýšila. V této práci však byl uvažován pouze pětigenerační rodokmen, kdy bylo předpokládáno, že za touto hranicí jsou již jedinci nepřibuzní – jedinci v páté generaci předků byli vždy bráni jako zakladatelé. Tento předpoklad však plně neodpovídá historickému vývoji populace starokladrubskeho koně. Pro odhad koeficientu příbuzenské plemenitby jedince, či průměrného koeficientu příbuzenské plemenitby populace, má délka a kompletnost rodokmenu významný vliv na výsledek odhadu (Cothran et al. 1984). Toto potvrdili i Zechner et al. (2002), kteří odhadli průměrný koeficient příbuzenské plemenitby pro koně plemene lipicán 2,1 % s využitím pěti generačního rodokmenu a 10,8 % s využitím úplného rodokmenu.

Analýzy rodokmenu podobně jako molekulárně genetické analýzy na základě mikrosatelitů či SNP (Single Nucleotide Polymorphism) je možné použít ke studiu genetické proměnlivosti a genetické rozmanitosti uvnitř i mezi rozdílnými plemeny hospodářských zvířat. Rodokmenové analýzy nevyžadují složité laboratorní zařízení, na druhé straně jsou náchylné na neúplnost, či chyby v rodokmenových záznamech. Rodokmenové záznamy v jistých okamžicích představují spolehlivější zdroj informací než například mikrosatelitní markery. Toro et al. (2009) ve své práci uvádí, že mikrosatelitní markery nemusí být vždy nezbytně dobrými odhadci genetické příbuznosti mezi jedinci. A to z toho důvodu, že existuje problém ve stanovení genomické heterozygotnosti při použití pouze malého počtu molekulárních markerů (v řádech desítek mikrosatelitů). Vostrý et al. (2011b) uvádějí, že využití pouze mikrosatelitní analýzy pro odhad koeficientu příbuzenské plemenitby není vhodné. Také Baumung a Sölkner (2003) uvádějí, že i neúplný rodokmen je pro odhad koeficientů příbuzenské plemenitby a dalších populačních parametrů vhodnější než mikrosatelitní markery. Úplné rodokmenové záznamy jsou shledávány v současné době jako velmi významné pro správné řízení chovu koní. Problém s malým počtem molekulárních markerů při mikrosatelitní analýze je možné vyřešit s použitím SNP – čipů obsahující SNP markery (například u koní 67 000 SNP). Tyto čipy již pokrývají celý genotyp jedince velkým počtem markerů, avšak pořizovací cena v současné době nepřispívá k plošnému genotypování populací. Z těchto důvodů kvalitní genealogické informace zavedené v rodokmenech mohou představovat spolehlivější zdroj informací o genetické proměnlivosti v populaci i za předpokladu využití pouze pravděpodobnostního počtu.

Vědecké hypotézy

- 1) Ve sledované populaci starokladrubského koně došlo k ztrátě genetické rozmanitosti.
- 2) V populaci starokladrubského koně nebyli v plemenitbě rovnoměrné využívání všichni jedinci a docházelo k upřednostňování určité skupiny plemeníků či plemenic.

Cíl práce

Cílem práce je hodnocení vývoje a současného stavu genetické rozmanitosti u populace starokladrubského koně, která bude založena na studiu rodokmenu a stanovení faktorů, které mohou ovlivňovat genetickou proměnlivost u tohoto plemene.

Materiál a metody

Hodnocení genetické rozmanitosti byly uskutečněny na základě rodokmenových informací. Kompletní rodokmenové informace registrovaných jedinců v plemenné knize starokladrubskeho koně obsahující rodokmenové informace od roku 1729 do 31. 6. 2013 poskytla Rada plemenné knihy starokladrubskeho koně (n= 7971). Genetické diverzita populace byla analyzována na základě referenční populace, která byla definována jako jedinci potenciálně schopní reprodukce (n=1693).

Ekvivalent kompletnosti generací byl vypočítán pro každého jedince v sledované populaci jako suma všech známých rodičů z výrazu $\Sigma(1/2)^n$, kde n je počet generací oddělující jedince od každého předka (Maignel et al., 1996). Kompletnost rodokmenu stanovuje, jak přesně může být odhadnut koeficient příbuzenské plemenitby, tudíž může velmi ovlivnit „validnost“ odhadnuté hodnoty koeficientu příbuzenské plemenitby.

Koeficient příbuzenské plemenitby (F_i) každého jedince byl odhadnut tabulární metodou (Falconer and Mackay, 1996) se zohledněním jedinců s chybějícími informacemi o rodičích (VanRaden, 1992).

Realizovaná efektivní populace (N_e - průměrná efektivní populace) představuje počet nepříbuzných jedinců, kteří by způsobili shodný nárůst hodnoty koeficientu příbuzenské plemenitby, jakého bylo dosaženo v referenční populaci. Realizovaná efektivní populace byla odhadnuta dle Cervantes et al., 2008.

Ztráta genetické rozmanitosti v referenční populaci v důsledku genetického driftu, nebo nerovnoměrného příspěvku předků byla odvozena z efektivního počtu zakladatelů a ekvivalentu genotypu zakladatelů.

Výsledky a diskuze

Kompletnost rodokmenové informace referenční populace po 33 generací, které byly nalezeny v databázi, udává procento známých předků jedince v dané generaci. Plemeno starokladrubský kůň má velmi dlouhou chovatelskou historii s rodokmenovými záznamy sahajícími až do první poloviny 18. století. V průměru je známo 100 % kompletního rodokmenu do šesté generace pro celou populaci starokladrubského koně. Do 90% kompletnosti generací v průměru bylo zjištěno u celé populace do 12. generace. Kompletnost rodokmenu do 50% byla zaznamenána do 28. generace. Pro ilustraci celkový počet známých předků v 17. generaci je 2^{17} tj. 131 0072, z kterých je u starokladrubského koně známo přibližně 67 000 předků. Databáze obsahuje v průměru 15,11 ekvivalent kompletnosti generací jedinců v referenční populaci v rozmezí od 6,5 do 17,28. Kompletnost rodokmenových informací odpovídá další populaci starošpanělských koní – plemenu lipicán (Zechner et al., 2002). U tohoto plemene bylo zjištěno 90% známých předků do 10. generace a více než 50% známých předků do 17. generace. Také u rakouských noriků bylo zjištěno 90% známých předků do 9. generace (Drüml et al., 2009). Ekvivalent kompletnosti předků představuje přepočtení počtu předků jedince na počet generací s kompletním rodokmenem. Průměrný ekvivalent kompletnosti rodokmenu zjištěný u starokladrubského koně odpovídá již zmíněným populacím lipicánského koně - 15,2 (Zechner et al., 2002) a rakouského norika - 12,3 (Drüml et al., 2009). Naopak u andalusského koně - 8,3 (Valera et al., 2005), španělského arabského koně - 7,9 (Cervantes et al., 2008) a německého painthorse - 4,77 (Siderits et al., 2013) byly zjištěny hodnoty nižší. Výrazné procentrické snížení známých předků zaznamenané mezi 8. – 9. generací spadá do první poloviny 20. století, kdy vlivem rozpadu rakousko-uherské monarchie a v následných letech hrozila plná likvidace chovu, jelikož bylo stádo vraníků zcela zrušeno a plemenní koně byli rozprodáváni. Z analýzy vyplývá, že podkladová rodokmenová data představují rozsáhlé množství informací pro studium vývoje genetické diverzity starokladrubského koně a faktorů, které ji ovlivňují.

Vývoj průměrné hodnoty F_x podle roku narození odpovídal historickému vývoji populace starokladrubského koně. K většímu nárůstu dochází od roku 1940. Hranice průměrného koeficientu příbuzenské plemenitby 10% byla trvale překročena v roce 1970. Mezi lety 1979 – 1987 došlo k mírnému snížení hodnot průměrného koeficientu příbuzenské plemenitby. Od roku 1988 dochází k trvalému zvyšování, kdy v roce 2013 byla překročena hranice 15%. Průměrná hodnota koeficientu příbuzenské plemenitby v referenční populaci činí 13,1%, maximální hodnota byla 28,6%. Námi zjištěné hodnoty F_x odpovídají hodnotám zjištěným u dalšího starošpanělského plemena koní –

plemene lipicán (15%, Zechner et al., 2002). Výrazně nižší hodnoty F_X odhadl Jakubec et al. (2009) u starokladrubského koně a Wolc and Balińska (2010) u populace polského konika. Sierszchulski et al. (2005) odhadl u polského arabského koně průměrné hodnoty $F_X = 0.88\%$.

Z analýzy v referenční populaci vyplývá, že dochází ke ztrátě genetické rozmanitosti jak v referenční populaci, tak u jednotlivých barevných variant. V celé referenční populaci došlo k celkové ztrátě genetické rozmanitosti o 11 % u bílé varianty o 13 % a u černé varianty o 17 %. Nejvyšší vliv na ztrátu genetické rozmanitosti v referenční populaci či u jednotlivých barevných variant byl zjištěn pro náhodný genetický drift a nejvyšší hodnota byla zaznamenána u černé varianty 92%. Největší část ztráty genetické rozmanitosti byla zaznamenána mezi roky 1900 až 1972. Jednalo se především o ztrátu způsobenou genetickým driftem. Ztráta genetické rozmanitosti způsobená nerovnoměrným příspěvkem zakladatelů představuje pouze malou část na celkové ztrátě genetické rozmanitosti. Při rozdělení celé populace na barevné varianty je zřejmé, že genetická rozmanitost mezi subpopulacemi představuje zanedbatelnou část. Hlavní část tvoří genetická rozmanitost uvnitř skupin, do které z větší části přispívá genetická rozmanitost uvnitř jedinců než genetická rozmanitost mezi jedinci. Vývoj ztráty genetické rozmanitosti jak u referenční populace, tak u jednotlivých barevných variant odpovídá vývoji změny koeficientu příbuzenské plemenitby (ΔF). Obecně lze říct, že v referenční populaci starokladrubského koně došlo ke ztrátě genetické rozmanitosti. Podíl ztráty genetické rozmanitosti v důsledku náhodného genetického driftu byl vyšší než podíl způsobený nenáhodným přispěním zakladatelů. Tento genetický drift byl převážně ovlivněn efektem hrdla láhve (bottleneckem), ke kterému došlo v první polovině dvacátého století. Efekt hrdla láhve (bottleneck) představoval speciální formu genetického driftu, hlavně u populace vraníků. Avšak kromě zmíněného genetického driftu a nerovnoměrného příspěvku zakladatelů do referenční populace, je také ztráta genetické rozmanitosti ovlivněna přípařovacím plánem a podobnými vlivy. Vývoj ztráty genetické rozmanitosti v posledních letech sledovaného období odpovídá vývoji u uzavřené populace bez možnosti přílivu genů z fylogeneticky podobných plemen.

Závěr

Byla provedena komplexní rodokmenová analýza starokladrubského plemene koní. Výsledky z analýzy kompletnosti rodokmenu vykazují vysoký stupeň jeho kompletnosti. Byla zjištěna vysoká ztráta genetické proměnlivosti u populace starokladrubského koně (od 10,5 % pro celou referenční populaci do 17 % pro vranou variantu). Tato významná ztráta genetické proměnlivosti souvisí s historickým vývojem plemene a největší úbytek byl zaznamenán do sedmdesátých let dvacátého století. Tato ztráta genetické proměnlivosti měla za následek výrazný pokles efektivních počtů zakladatelů a předků. Malý efektivní počet předků poukazuje na intenzivní využívání jen několika hřebců v plemenitbě. Nerovnoměrný příspěvek předků do referenční populace také vedl ke ztrátě genetické rozmanitosti. Dále byl zjištěn vysoký vliv náhodného genetického driftu na ztrátu genetické rozmanitosti. Všechny tyto skutečnosti jsou způsobeny regenerací starokladrubského koně, kdy docházelo k regeneraci celého plemene jen z malého počtu jedinců, hlavně u vrané varianty.

Vysoké hodnoty koeficientu příbuzenské plemenitby byly odhadnuty díky vysoké kompletnosti rodokmenů, která pomohla zpřesnit jeho výpočet. Dále k zpřesnění hodnoty koeficientu příbuzenské plemenitby přispělo využití metodiky dle VanRadena (2003), která umožňuje zohlednit průměrný koeficient příbuzenské plemenitby pro neznámé předky. Parametry hodnotící využívání nepříbuzných jedinců v populaci poukazují na vhodnou plemenářskou strategii. Přesto by se měla šlechtitelská práce zaměřit na zvýšení podílu zařazených jedinců do plemenitby s ohledem na snižování přírůstku koeficientu příbuzenské plemenitby za generaci (ΔF) a zajištění rovnoměrného příspěvku zakladatelů do následné generace s cílem udržení vysokého stupně genetické proměnlivosti do dalších generací. Bílá i vraná varianta vykazovala nízké hodnoty genetické vzdálenosti.

Dá se předpokládat, že správnou strategií pro uchování genetické rozmanitosti v populaci starokladrubského koně by bylo snížení nárůstu koeficientu příbuzenské plemenitby v populaci a zvýšení efektivní velikosti populace. V řízení chovu starokladrubského plemene by měly být požadovány: minimalizování koeficientu příbuzenské plemenitby, maximalizace genetické proměnlivosti a vyvážený genetický příspěvek jedinců do následné generace.

Závěrem je možné konstatovat, že obě stanovené hypotézy byly potvrzeny. Rovněž cíl práce byl naplněn touto dosud nejhlubší a nejrozsáhlejší populační analýzou rodokmenů starokladrubského koně studující genetickou proměnlivost plemene a její vývoj.

Seznam literatury

- Baumung, R., Sölkner, J. 2003. Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability. *Genetics Selection Evolution*. 35. 369-383.
- Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E. 1997. The value using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a populations. *Genetic Selection Evolution*. 29. 5-23.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., Gutiérrez, J. P. 2008. Application of individual increase in inbreeding to estimate effective size from real pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 125. 301–310.
- Drüml, T., Baumung, R., Sölkner, J. 2009. Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126. 348-356.
- Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. 1996. *Introduction into quantitative genetics*. Longman House, Harlow Essex., p. 464. ISBN: 978-0582243026.
- FAO, 2000. *Secondary guidelines for development of farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk*. FAO. Rome. Italy. p. 219.
- Jakubec, V., Vostrý, L., Schlote, W., Majzlík, I., Mach, K. 2009. Selection in the genetic resource: genetic variation of the linear described type traits in the Old Kladrub horse. *Archiv für Tierzucht*. 52. 343-355.
- Kadlečík, O., Kasarda, R., Mészáros, G. 2008. Inbreeding in purebred Slovak Pinzgau dual – purpose cattle population. *Archiva Zootechnica*. 11 (2). 21-28.
- Maignel, L., Boichard, D., Verrier, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull*, 14. 49-54.
- Relichová, J. 2009. *Genetika poulací*, Masarykova univerzita v Brně, 188 s., ISBN: 978-80-210-4795-2.
- Siderits, M., Baumung, R., Fuerst-Waltl, B. 2013. Pedigree analysis in the German Paint Horse: Genetic variability and the influence of pedigree quality. *Livestock Science*. 151. 152-157.
- Sierszchulski, J., Helak, M., Wolc, A., Szwaczkowski, T., Schlote, W. 2005. Inbreeding rate and its effect on three body conformation traits in Arab mares. *Animal Science Papers and Reports*. 23. 51-59.
- Toro, M. A., Fernández, J., Caballero, A. 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science*. 120. 174-195.
- Valera, M., Molina, A., Gutierrez, J. P., Gomez, J., Goyache, F. 2005. Pedigree analysis in the

- Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Production Science* 95. 57-66.
- VanRaden, P. M. 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *Journal of Dairy Science*. 75. 3136-3144.
- Vicente, A. A., Carolin, N., Gama, L. T. 2014. Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. *Livestock Science*. 148. 16-25.
- Wade, C. M., Giulotto, E., Sigurdsson, S., Zoli, M., Gnerre, S., Immsland, F., Lear, T. L., Adelson, D. L., Bailey, E., Bellone, R. R. 2009. Genome Sequence, Comparative Analysis, and Population Genetics of the Domestic Horse. *Science*. 326. 865-867.
- Wolc, A., Balińska, K. 2010. Inbreeding effects on exterior traits in Polish konik horses. *Archiv für Tierzucht*. 53. 1-8.
- Zechner, P., Zohman, F., Sölkner, J., Bodi, I., Habe, F., Marti, E., Brem, G. 2002. Morphologic description of the Lipizzan horse population. *Livestock Production Science*. 69. 163-177.

Přehled publikační činnosti – Ing. Hana Vostrá Vydrová

(ke dni 13.9. 2016)

Články v časopisu s IF

1. Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Krupa, E., Veselá, Z., Schmidová, J. Genetic diversity within and gene flow among three draught horse breeds using genealogical information. *Czech Journal of Animal Science* (in press).
2. Novotná, A., Svitáková, A., Schmidová, J., Příbyl, J., Vostrá-Vydrová, H. 2016. Variance components, heritability estimates, and breeding values for performance test traits in Old Kladruher horses. *Czech Journal of Animal Science*. 61 (8). 369-376.
3. Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Krupa, E., Zavadilová, L. 2016. Pedigree analysis of the endangered Old Kladruher horse population. *Livestock Science*. 185. 17-23.
4. Hofmanová, B., Vostrý, L., Majzlík, I., Vostrá-Vydrová, H. 2015. Characterization of greying, melanoma, and vitiligo quantitative inheritance in Old Kladruher horses. *Czech Journal of Animal Science*. 60 (10). 443-451.
5. Příbyl, J., Bauer, J., Čermák, V., Pešek, P., Příbylová, J., Šplíchal, J., Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Zavadilová, L. 2015. Domestic estimated breeding values and genomic enhanced breeding values of bulls in comparison with their foreign genomic enhanced breeding values. *Animal*. 9 (10). 1635-1642.
6. Vostrý, L., Milerski, M., Krupa, E., Veselá, Z., Vostrá Vydrová, H. 2015. Genetic relationships among calving ease, birth weight and perinatal calf survival in Charolais cattle. *Animal Science Paper and Report*. 33 (3). 233 – 242.
7. Vostrý, L., Veselá, Z., Svitáková, A., Vostrá Vydrová, H. 2014. Comparison of models for estimating genetic parameters and predicting breeding values for birth weight and calving ease in Czech Charolais cattle. *Czech Journal of Animal Science*. 59 (7). 302–309.
8. Vostrý, L., Hofmanová, B., Vostrá Vydrová, H., Příbyl, J., Majzlík, I. 2012. Estimation of genetic parameters for melanoma in Old Kladruher horse. *Czech Journal of Animal Science*. 57 (2). 75-82.
9. Vostrý, L., Čapková, Z., Příbyl, J., Hofmanová, B., Vostrá Vydrová, H., Mach, K. 2011. Population structure of Czech Cold-Blooded Breeds of Horses. *Archiv für Tierzucht*. 54 (1). 1 - 9.

Články ve vědeckých publikacích – recenzované (zařazené do databáze Scopus)

10. Vostra-Vydrova, H., Vostry, L., Hofmanova, B., Schmidova, J., Vesela, Z., Majzlik, I. Founder contribution in the endangered Czech draught horse breeds. *Acta Agriculturae Slovenica. Supplement 5.* 169–173.
11. Hofmanova, B., Vostra-Vydrova, H., Majzlik, I., Vostry, L.: The effect of Inbreeding on melanoma and vitiligo occurrence in Old Kladruber GREY horses. *Acta Agriculturae Slovenica. Supplement 5.* 109–112.
12. Schmidova, J., Milerski, M., Svitakova, A., Novotna, A., Vostra-Vydrova, H., Vostry, L. 2016. The influence of ram on litter size in Suffolk sheep. *Acta Agriculturae Slovenica. Supplement 5.* 109–112.
13. Vostry, L., Vostra-Vydrova, H., Hofamnova, B., Vesela, Z., Schmidova, J. Analysis of linear scoring of conformation traits in Czech draught horses. *Acta Agriculturae Slovenica. Supplement 5.* 174–178.
14. Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Hofmanová, B., Veselá, Z., Majzlík, I. 2015. Genetic diversity in Czech Haflinger horses. *Poljoprivreda.* 21 (1). 163-165.
15. Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Veselá, Z., Schmidová, J., Majzlík, I. 2015. Population studies of Czech Hucul horses. *Poljoprivreda.* 21 (1). 41-43.
16. Hofmanová, B., Kohoutová, P., Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Majzlík, I. 2015. Population studies of Czech Hucul horses. *Poljoprivreda.* 21 (1). 224-227.

Články ve vědeckých publikacích – recenzované

17. Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Veselá, Z., Schmidová, J., Novotná, A. Estimation of effective population size by different methods for Czech endangered horse breeds based on genealogical information. *Acta fytotechnica et zootechnica,* (akceptováno).
18. Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Hofmanová, B., Veselá, Z., Schmidová, J. Inter and intra genetic variability in sire lines of Czech endangered draft horse breed. *Acta fytotechnica et zootechnica* (akceptováno).

Certifikované metodiky

19. Vostrý, L., Vostrá Vydrová, H., Příbyl J., Novotná, A., Schmidová, J., Bauer, J. 2015. Předpověď plemenných hodnot pro znaky zevnějšku popisované linárním popisem u

starokladrubskeho koně. Certifikovaná metodika, VÚŽV Uhřetěves. ISBN: 978-80-7403-140-3.

20. Příbyl, J. Bauer, J., Krupa, E., Krupová, Z., Milerski, M., Novotná, A., Pešek, P., Příbylová, J., Schmidová, J., Svitáková, A., Veselá, Z., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L., Zavadilová, L., Žáková, E. 2014. Genetic evaluation by Linear Models using own algorithms and standard software. Certifikovaná metodika, VÚŽV Uhřetěves. ISBN: 978-80-7403-128-1. Str. 55.

Aktivní účast na mezinárodních konferencích (s příspěvkem ve sborníku)

21. Hofmanová, B., Houdková, D., Majzlík, I., Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L. 2016. Analysis of the testing horses for therapeutic in the Czech Republic. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the EAAP, 29 August - 2 September 2016, Belfast, UK, s. 476-476.
22. Moravčíková, N., Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Kadlečík, O., Kasarda, R. 2016. Population structure a recent migration in closely related Old Kladruber and Lipizzan populations. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the EAAP, 29 August - 2 September 2016, Belfast, UK, s. 578-578.
23. Schmidová, J., Milerski, M., Svitáková, A., Vostrá Vydrová, H., Vostrý, L. 2016. The influence of ram on number of born and weaned lambs in Suffolk. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the EAAP, 29 August - 2 September 2016, Belfast, UK, s. 367-367.
24. Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Hofmanová, B., Veselá, Z., Schmidová, J., Majzlík, I. 2016. Genetic diversity loss in populations Czech draft horse breeds. Book of Abstracts of the 67th Annual Meeting of the EAAP, 29 August - 2 September 2016, Belfast, UK, s. 584-584.
25. Hofmanová, B., Kohoutová, P., Majzlík, I., Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H. 2015. Analysis of factors influencing coat color intensity in Old Kladruber black horses. Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the EAAP, 31 August - 4 September 2015, Warsaw, Poland, s. 439-439.
26. Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Hofmanová, B., Veselá, Z., Majzlík, I. 2015. Book of Abstracts of the 66th Annual Meeting of the EAAP, 31 August - 4 September 2015, Warsaw, Poland, s. 440-440.

27. Hofmanová, B., Pribáňová, M., Majzlík, I., Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H. 2014. Population study of three breeds of cold blooded horses in the Czech Republic. Book of Abstracts of the 65th Annual Meeting of the EAAP, EAAP, 25 - 29 August 2014, Copenhagen, Denmark, s. 379-379. ISBN: 978-90-8686-248-1
28. Příbyl J., Bauer, J., Čermák, V., Motyčka, J., Pešek, P., Příbylová, J., Šplíchal, J., Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Zavadilová, L. 2014. Combination of domestic and Interbull MACE values on genomic prediction of GEBV. Book of abstracts of International scientific genetic conference XXVI. Genetic Days, 3.-4.9.2014, Prague, Czech Republic, s. 31-32. ISBN: 978-80-213-2473-2
29. Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Majzlík, I. 2014. Pedigree analysis of Old Kladruber horse. Book of Abstracts of the 65th Annual Meeting of the EAAP, 25 - 29 August 2014, Copenhagen, Denmark, s. 379-379. ISBN: 978-90-8686-248-1
30. Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Hofmanová, B., Majzlík, I., Veselá, Z., Krupa, E. 2014. Estimation of genetic parameters and prediction of breeding value for calving ease. Book of Abstracts of the 65th Annual Meeting of the EAAP, 25 - 29 August 2014, Copenhagen, Denmark, s. 323-323. ISBN: 978-90-8686-248-1
31. Vostrý, L., Vostrá-Vydrová, H., Hofmanová, B., Krupa, E. (2014) Analysis of genetic diversity in endangered horse population of Old Kladruber breed. Book of abstracts of International scientific genetic conference XXVI. Genetic Days, 3.-4.9.2014, Prague, Czech Republic, s. 72-73. ISBN: 978-80-213-2473-2