

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra genetiky a šlechtění



Genový tok v rámci plemene český fousek

Diplomová práce

Autor práce: Bc. Silvie Neradilová

Vedoucí práce: doc. Ing. Luboš Vostrý Ph.D.

Konzultant: Mgr. Barbora Černá Bolfíková Ph.D.

© 2015 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou diplomovou práci "Genový tok v rámci plemene český fousek" jsem vypracovala samostatně pod vedením vedoucího diplomové práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autorka uvedené diplomové práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušila autorská práva třetích osob.

V Praze dne 9. 4. 2015

Poděkování

Ráda bych touto cestou poděkovala své konzultantce Mgr. Barboře Černé Bolfikové Ph.D. za neocenitelnou pomoc při psaní mé diplomové práce. Dále bych ráda poděkovala všem chovatelům, kteří poskytli nejen vzorky svých psů, ale také informace. Také bych ráda poděkovala Ing. Mileně Smetanové a Ing. Magdaleně Churavé za pomoc při odebírání vzorků a psychickou podporu.

Genový tok v rámci plemene český fousek

Souhrn

Tato studie se zabývá srovnáním genetických parametrů plemene český fousek (ČF) a dalších tří plemen ohařů (německý drátosrstý ohař (DD), Korthalsův grifon (KG), německý krátkosrstý ohař (NKO)) za využití 19 mikrosatelitových markerů. Bylo předpokládáno, že plemeno ČF bude ve srovnání s ostatními plemeny vykazovat vyšší míru homozygotity a že si budou s plemenem DD geneticky bližší než s ostatními plemeny. Také byl předpoklad výrazného genového toku mezi plemeny ČF a KG. Cílem studie bylo zjistit míru genetické divergence mezi plemeny, popis genetické variability plemen a základních genetických parametrů a zjištění možných rozdílů v genetické architektuře plemene českých fousků z důvodu různých podmínek chovu v zahraničí a v ČR. Vzorky psů byly získány neinvazivní metodou - stěr z bukální sliznice. Bylo analyzováno celkem 414 jedinců (213 ČF, 118 DD, 42 NKO a 39 KG). Klastrovací analýzy naznačují, že plemeno ČF je izolováno od ostatních plemen. Všechna plemena tvořila samostatné skupiny, avšak vyšší míra genetické variability uvnitř plemene byla zjištěna pro KG. To by mohlo být způsobeno tím, že část vzorků pocházela od psů registrovaných AKC jako čistokrevní grifoni. Druhá část vzorků pocházela od jedinců z klubu WPGCA, kde je už téměř 30 let přilévána krev českých fousků do plemene Korthalsův grifon a tito jedinci jsou zřejmě geneticky odlišní. V některých případech byl zjištěn výrazný genový tok z plemene ČF do plemene KG. Nebyly nalezeny žádné výrazné rozdíly mezi jedinci ČF chovanými v zahraničí a v ČR. Při rozdělení plemene německého drátosrstého ohaře, v závislosti na původu, na DD (Deutsch Drahthaar) a GWP (German wirehaired pointer), byla objevena slabá diferenciace obou plemen. Fylogenetické analýzy naznačují, že plemeno ČF je fylogeneticky starší, než ostatní plemena analyzovaná v této studii, což ovšem může být zkresleno nezahrnutím ostatních plemen ohařů do této studie. Koeficient inbreedingu pro plemeno ČF nenaznačuje výraznější vliv inbreedingu i přesto, že se v chovu uplatňuje liniová plemenitba. Průměrná hodnota heterozygotity se pohybovala v rozmezí 0,66 (NKO) - 0,69 (DD). Hodnoty F_{ST} pro všechna plemena byly v rozmezí pro střední diferenciaci. Analýza molekulární variance naznačila, že 8 % z celkové variance se vyskytuje mezi populacemi.

Klíčová slova: český fousek, genetická variabilita, liniový chov, mikrosatelity, německý drátosrstý ohař

Gene-flow within Cesky Fousek breed

Summary

The goal of this study was to compare genetic parameters among the breeds of Cesky Fousek (CF) and another three breeds of pointing dogs (Deutsch Drahthaar (DD, GWP), Wirehaired pointing griffon (WPG) and Deutsch Kurzhaar (DK)) using 19 microsatellite markers. It was assumed that the CF breed show lowest heterozygosity and that this breed is more genetically related to the DD breed. Strong gene-flow was observed between CF and WPG breeds. The aim of this study was to investigate the rate of genetic divergence between breeds, analyse genetic variability and description of basic genetic parameters. Another goal was to find out if different concepts of breeding in abroad are visible in the genetic architecture of the CF breed. In total, 414 buccal swab samples were taken (213 CF, 118 DD, 42 DK and 39 WPG). Bayesian clustering analysis indicate that CF breed is isolated from other breeds. All breeds divided into separated clusters, however a higher rate of genetic variability was detected in WPG breed. This could be caused by different sets of samples in this breed - part of them was taken from AKC registered dogs, the other part was taken from WPGCA registered dogs. WPGCA uses CF individuals in their breeding system for almost 30 years, that is probably the reason, why are these dogs so genetically different from AKC registered WPG. In some cases a strong gene-flow was detected from the CF breed to WPG. There were found no differences between the CF individuals bred in Czech Republic and abroad. A weak differentiation was detected between individuals of DD and GWP breeds. Phylogenetic analysis indicated, that the CF breed is older than other breeds analysed in this study. Although this could be misrepresented due to absence of another pointing dog breeds in the study. Although line breeding is still used in the CF breed, inbreeding coefficient did not indicated any expressive influence of inbreeding. Average value of heterozygosity ranged from 0,66 (DK) to 0,69 (DD). Pairwise F_{ST} values for all breeds matched with the values for medium differentiation. Molecular variance analysis revealed that 8 % of the total variance occurred among populations.

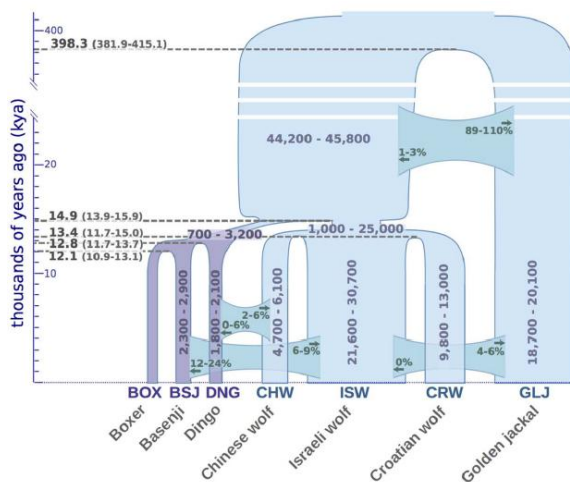
Keywords: Cesky Fousek, Deutsch Drahthaar, genetic variability, line breeding, microsatellites

Obsah

1 Úvod.....	7
2 Cíl práce.....	11
3 Literární rešerše	12
4 Materiály a metody.....	24
4.1 Mikrosatelity	24
4.2 Sběr vzorků	25
4.3 Extrakce DNA	25
4.4 PCR	25
4.5 Analýza dat	27
5 Výsledky	29
6 Diskuze	35
7 Závěr	42
8 Seznam použité literatury:	43
9 Seznam použitých zkratk a symbolů:	53
10 Samostatné přílohy:	54
10.1 Seznam příloh	54
10.2 Historie plemene český fousek (ČF)	54
10.3 Historie plemene německý drátosrstý ohař (NDO, DD, GWP)	60
10.3.1 Deutsch Drahthaar v USA	63
10.3.2 Rozdělení plemene	64
10.3.3 Pět typů	65
10.4 Historie plemene Korthalsův griffon (Wirehaired Pointing Griffon) (WPG, KG)	67
10.5 Historie plemene německý krátkosrstý ohař (NKO)	71

1 Úvod

Pes domácí (*Canis lupus familiaris* L.), je unikátním příkladem vysoké míry fenotypové variability v rámci jednoho druhu. Dnešní plemena vykazují polymorfní znaky, které se projevují od různých barev srsti až po morfologické odlišnosti (Parker et Ostrander, 2005; Vilá et al., 1999) a chování (Sundqvist et al., 2006). I přes dramatickou rozdílnost ve fenotypu byli psi od svého předka, vlka obecného (*Canis lupus*), odděleni teprve nedávno (Wayne et Ostrander, 1999). Přesná doba a geografický původ dnešních psů však zůstává nadále nejasný. Někteří autoři uvádí, že se psi a vlci začali oddělovat před 11 000 – 16 000 lety (Freedman et al., 2014), i když psům podobní jedinci, byli dle archeologických záznamů nalezeni již před 33 000 lety (Druzhkova et al., 2013). Není ale jasné, jestli jsou tyto fosílie předkové dnes žijících psů, neúspěšné pokusy o domestikaci nebo jen morfologicky odlišní vlci (Druzhkova et al., 2013; Larson, 2014; Ovodov et al., 2011). Thalmann et al. (2013) uvádí, že nálezy z Belgie (Germonpré et al., 2009) a Ruska (Ovodov et al., 2011) jsou pravděpodobně případem neúspěšných pokusů o domestikaci.



Obr. 1: Grafické znázornění botlenecků, které ve své studii uvádí Freedman et al. (2014). Jsou zde znázorněny také efektivní velikosti populací a procentuální genový tok mezi jednotlivými populacemi.

Thalmann et al. (2013) také zjišťoval pomocí analýz mitochondriální DNA, kdy došlo k počátku domestikace. Bylo analyzováno 18 prehistorických psovitých šelem spolu s recentními vlky a psy. Výsledky naznačují, že k počátku domestikace došlo někdy před 18 800 až 32 100 lety. Freedmana et al. (2014) navíc doplňuje, že v populacích psů i vlků docházelo k efektům hrdla láhve, jinak také botleneckům, v průběhu domestikace. U psů i vlků došlo k výraznému domestikačnímu botlenecku, krátce po jejich oddělení (před 15 000 - 20 000 lety). U psů

byl tento botleneck velmi výrazný. Botleneck u vlků je předpokládán mírnější a data naznačují, že genetická diverzita vlků byla tehdy mnohem vyšší než je tomu u současné vlčí populace. U psů pak došlo k botlenecku ještě jednou (před 2 500 - 5000 lety) v době formování jednotlivých plemen (Thalmann et al., 2013). Freedman tak svým tvrzením odporuje Wangovi et al., který v roce 2013 ve své studii uvádí, že k oddělení vlků



Obr. 2: Lebka nalezená v jeskyni Goyet (Belgie), stáří asi 36 000 let (Germonpré et al., 2011). Thalmann uvádí, že tito psovití byli spíše sesterská skupina ke všem dnes žijícím psům a vlkům, než jejich přímí předci.

se rozšířila do celého světa (Savolainen et al., 2002; Pang et al., 2009; vonHoldt et al., 2010; Wang et al., 2013). Nicméně Thalmann et al. (2013) uvádí, že pokud byly archeologické nálezy z Ruska a Belgie (viz výše) opravdu neúspěšnými pokusy o domestikaci, znamenalo by to, že domestikace nebyla procesem, který započal na jednom místě, ale probíhala nezávisle na různých místech světa v různých časových obdobích (Thalmann et al., 2013; Vilá et al., 1999). Thalmann také tvrdí, na základě výsledků své studie, že domestikace započala spíše v Evropě než na blízkém východě nebo v Asii (Thalmann et al., 2013; Larson et al., 2012). Thalmann současně podporuje hypotézu, že domestikace započala ještě před vznikem zemědělství. Velikost populace domestikovaných psů pak odpovídala rozšíření lidské populace, což naznačuje demografickou závislost psů na lidech. Naproti tomu, populace vlků se v tomto období snížila v souvislosti s rozšiřujícím se zemědělstvím a ztrátou jejich přirozeného prostředí.

Psi měli tedy vzájemně výhodný vztah s lidmi. Sdíleli jejich životní prostor i zdroje potravy. V posledních stoletích lidé selektivně chovali psy, kteří vynikali v pasení, lovu nebo poslušnosti a tento proces také vyvinul psy, kteří lidem rozumí a podporují jejich potřeby (Lindblad-Toh et al., 2005).

Schopnost soužití s lidmi je unikátní vlastnost psů. U psů se vyvinulo chování, které pro ně bylo výhodné při tomto soužití (Hare et al., 2002; Miklósi et al., 2003; Topál et al., 2009).

a původních čínských psů došlo před 32 000 lety a že následující botlenecky byly mírné. Také názory na umístění domestikačních center se liší. Podle archeologických nálezů v západní Evropě a na Sibiři bylo usouzeno, že domestikace začala právě v těchto oblastech (Germonpré et al., 2009; Sablin et al., 2002).

Nicméně se zdokonalujícími se genetickými analýzami se stále více autorů přiklání k názoru, že domestikace započala v oblasti středního východu a jihovýchodní Asie odkud



Obr. 3: Archeologický nález lebky psovité šelmy z Altai Mountines na Sibiři. Stáří lebky se odhaduje na 33 000 let (Ovodov et al., 2011).

Vyvinula se u nich i jakási schopnost oddanosti k osobě, která se o psa starala. Tato osoba byla pro psa jak zdrojem informací (Merola et al., 2012), tak také ochráncem a pomocníkem (Gácsi et al., 2013). Vlk toto chování nevykazuje, nebo jen v omezené míře (Kubinyi, 2007; Miklósi, 2003). Důkazem toho, že mezi psy a lidmi se vyvinulo určité porozumění je například použití hlasu. Při použití vysokého "veselého" hlasu psi reagují energicky a jsou ochotní s člověkem spolupracovat (Miklósi a Topál, 2013). Dalším příkladem jsou gesta, včetně směru pohledu. Psi, i mladší jedinci, spoléhají na určení směru člověkem, ať už rukou nebo pohledem (Soproni et al., 2001; Lakatos et al., 2009). Vlci na člověka nespolehají a raději preferují samostatnost (Kubinyi, 2007; Miklósi, 2003). Psi chovaní pro kooperaci s člověkem při lovu nebo pasení, si vyvinuli schopnost lepšího porozumění lidským gestům a zároveň větší samostatnost v uvažování, než psi, kteří byli vždy zvyklí s člověkem spolupracovat úzce (Gácsi a kol, 2009).

I když byli psi vystaveni selekci člověkem po velmi dlouhou dobu, plemena psů v moderním slova smyslu se začala objevovat až v polovině 19. století (Pedersen et al., 2013). Do té doby byl pravděpodobně genový tok mezi některými plemeny velmi výrazný. Po dalších 150 letech intenzivního chovu bylo vyšlechtěno víc než 400 plemen psů (Streitberger et al., 2011). Studie mtDNA naznačují, že všechna tato plemena pocházejí ze společného předka, jehož původní genový pool se ale díky šlechtění stávajících plemen a vzniku nových, neustále zmenšuje (Parra et al., 2008). U některých plemen přešlo původní pracovní využití ve



Obr. 4: Nahoře vlevo: fena ČF Asta Jarpol (CZ); Nahoře vpravo: fena DD Kisi z Plzínů (CZ); Dole vlevo: pes KG Allagash of Coyote Hills (USA); Dole vpravo: Pes NKO Chris ze Štípek (CZ); Všechna tato plemena se v historii několikrát střetla při regeneracích nebo chovatelských zásazích za účelem většího upevnění „loveckých vloh“ u jednotlivých psů

šlechtění na vzhled. V těchto případech se mnohdy genový pool plemen snížil natolik, že došlo k inbreedingu a s ním spojené inbrední depresi, a tím i vzniku genetických onemocnění. Ke zjištění míry ztráty genetické diverzity je tedy nutné prozkoumat, jak jsou plemena variabilní a jaká je u nich míra inbreedingu (Pedersen et al., 2013).

Zjištěním a srovnáním genetické struktury a diverzity

Tato diplomová práce se zabývá čtyřmi plemeny ohařů s pomocí

mikrosatelitových markerů. Tři z těchto čtyř plemen (český fousek, německý drátosrstý ohař, Korthalsův grifon; obr. 4) jsou si fenotypově velmi podobná, čtvrté plemeno je odlišné (německý krátkosrstý ohař; obr. 4), bylo však v chovu ostatních tří plemen v minulosti použito při jejich vzniku nebo pak později v rámci přilévání krve (viz přílohy). Toto srovnání by tedy mohlo osvětlit, jak jsou si současná hrubosrstá plemena geneticky blízká.

2 Cíl práce

- popis genetické divergence mezi českým fouskem a dalšími vybranými plemeny loveckých psů (německý drátosrstý ohař, německý krátkosrstý ohař, Korthalsův grifon).
- zjištění uplatnění různých konceptů chovu a v genetické architektuře plemene ve světě.
- popis genetické variability.
- zhodnocení českého a zahraničního chovu českých fousků.
- vliv šlechtění na genetickou architekturu plemene.
- Hypotézy:
 - Mezi všemi plemeny budou výrazné genetické rozdíly.
 - Plemeno český fousek bude ve srovnání s ostatními plemeny vykazovat vyšší míru homozygotity vzhledem k liniovému chovu.
 - Plemeno český fousek si bude geneticky bližší s plemenem německý drátosrstý ohař než s ostatními zkoumanými plemeny.
 - Mezi plemeny český fousek a Korthalsův grifon bude výrazný genový tok.

3 Literární rešerše

Po tisíciletích lidmi řízené selekce se v loveckém odvětví podařilo vyšlechtit předky dnešních ohařů. Arkwright (1902) uvádí, že z období Antiky, ani dřívější doby, neexistují žádné zmínky o používání ohařů při lovu. Předpokládá se, že je tomu tak proto, že antičtí lovci jednoduše nepotřebovali tento typ psů. Zaměřovali se na lov s dravci, přičemž ohař není zapotřebí.

Ohaři se začali objevovat víceméně současně na různých místech v oblastech jižní Evropy (Itálie, Španělsko, Francie) v období 12. – 14. století. Místní lovci začali učit psy, aby zůstali před zvěří stát nebo si lehli. Co bylo společnou motivací, pro tyto lovce, však zůstává záhadou. Tato zvířata vykazovala, ve srovnání s ostatními psy, „defektní“ chování, charakteristické zastavením se před jejich kořistí (Koshyk, 2011; Parra et al., 2008). V 16. a 17. století, kdy se začaly rozšiřovat palné zbraně, pak byli tito stavěcí psi vyhledáváni. Vyžadovalo se u nich vystavení zvěře a klid po ráně z lovecké pušky (Dostál, 2009; Kuhn, 2005; Koshyk, 2011; Parra et al., 2008).

Názory na to, které z hrubosrstých plemen ohařů vzniklo jako první, se liší (Koshyk, 2011; Dostál 2009; Hancock, 2011). Z dostupných zdrojů se však dá usuzovat, že konkrétní hrubosrstá plemena český fousek a německý drátosrstý ohař se v minulosti neustále potkávaly a jejich chovy se vzájemně prolínaly (viz přílohy). Tehdejší chovatelé totiž hrubosrstá plemena nerozlišovali, křížili je mezi sebou (Kuhn, 2005; Dostál, 2009; Koshyk, 2011). V posledních několika letech se také jeden z chovatelských klubů (WPGCA) v Americe, který registruje jedince plemene Korthalsův grifon, rozhodl importovat několik jedinců plemene český fousek za účelem zvýšení genetické variability plemene Korthalsův grifon. Hlavním důvodem byl zvyšující se počet jedinců s genetickým onemocněním (hlavně osteochondritis dissecans - OCD) nebo příliš blízká příbuznost chovných jedinců (Sojda a Connell, 2014).

Rozdělení psích populací během 19. století do uzavřených, oddělených plemen mělo pravděpodobně za následek zvýšení diferenciaci těchto plemen (Leroy et al., 2009a). Plemena nejsou stejnorodá, vykazují vnitřní strukturu, danou například zbarvením, které je mnohdy povoleno ve více variantách. Stejně tak velikost nebo účel plemene (pracovní vs. výstavní) může způsobovat vnitřní rozrůzněnost (Björnerfeldt et al., 2008). K odhalení těchto diferenciací byly v minulosti provedeny výzkumy, z nichž některé jsou uvedeny dále.

V roce 2011 provedla Ciampolini et al. studii na zjištění genetické variability plemene italský ohař, který je považován za nejstaršího italského ohaře. Už ze 14. století se zachovaly obrazy se psy velice podobnými dnešním italským ohařům. Na konci 19. století začalo plemeno upadat vinou nesprávné selekce, což způsobilo přílišnou lymfaticnost jedinců, psi byli těžcí a pomalí. Po 2. světové válce se však plemeno podařilo obnovit. Cílem studie bylo prověřit rozsah genetické variability za pomoci mikrosatelitových markerů, determinovat hodnoty hlavních genetických parametrů popisujících genetické zdraví plemene a zjistit, jestli by měly být použity nějaké specifické strategie v případě genetického ochuzení, které by mohlo být důsledkem omezené velikosti populace. Genetickou variabilitu ve své studii zjišťuje také Příbáňová et al. (2009), která si však za cílové plemeno vybrala jezevčíky. Tito psi jsou jedni z nejpůvodnějších loveckých psů na světě a stejně jako italští ohaři a čeští fousci, se řadí mezi nejstarší plemena evropských loveckých psů, což usuzujeme mimo jiné z maleb a písemností dochovaných ze 14. století. Příbáňová et al. (2009) ve své studii provedla genetickou analýzu šesti rázů jezevčíků (barva/velikost) chovaných v ČR. Dále ověřila, že panel mikrosatelitových markerů, který vybrala, je vhodný pro ověření rodičovství nebo identity jedince, pokud je tato nejasná.

Ciampolini ve své práci analyzovala vzorky od 72 nepříbuzných jedinců plemene italský ohař. Jejich získání bylo docíleno na akcích Klubu chovatelů italských ohařů, kde byli příbuzní jedinci v první a druhé generaci vyloučeni. Konečný set vzorků sestával z jedinců od 44 chovatelů z celé Itálie a pro studii bylo použito 21 mikrosatelitů (Ciampolini et al., 2011). Příbáňová et al. (2009) pro studii použila 10 mikrosatelitů a odebrala vzorky od celkem 632 jedinců, zahrnujících šest variant jezevčíků (99 krátkosrstý standard - SS; 72 dlouhosrstý

Microsatellite marker	No. of alleles	PIC	Heterozygosity		P
			Observed	Expected	
AHT121	7	0.675	0.649	0.719	0.198
AHT137	8	0.602	0.740	0.643	0.274
AHTH130	6	0.602	0.597	0.668	0.033
AHTh171	9	0.693	0.675	0.743	0.133
AHTH260	7	0.418	0.364	0.444	0.000
AHTk211	5	0.449	0.597	0.528	0.816
AHTK253	6	0.527	0.481	0.574	0.244
CXX279	6	0.627	0.597	0.665	0.008
FH2054	8	0.690	0.714	0.740	0.112
FH2848	8	0.574	0.597	0.601	0.715
INRA21	7	0.728	0.792	0.768	0.359
INU005	6	0.576	0.571	0.642	0.085
INU030	3	0.467	0.506	0.532	0.866
INU055	5	0.408	0.442	0.472	0.676
REN105L03	5	0.513	0.338	0.560	0.000
REN162C04	5	0.591	0.675	0.665	0.009
REN169018	6	0.773	0.727	0.807	0.204
REN169D01	8	0.676	0.675	0.708	0.113
REN247M23	8	0.651	0.675	0.686	0.168
REN54P11	7	0.626	0.532	0.664	0.000
REN64E19	5	0.509	0.519	0.597	0.072

Obr. 5: Počet alel a hodnoty očekávané a pozorované heterozygoty pro jednotlivé mikrosatelitové markery (Ciampolini et al., 2011).

standard - SL; 272 drsnosrstý standard - SW; 42 trpasličí krátkosrstý - MS; 73 trpasličí dlouhosrstý - ML; 74 trpasličí drsnosrstý - MW).

Ciampolini uvádí, že všech 21 mikrosatelitů bylo polymorfických, s celkovým počtem 135 alel, v rozmezí od 3 do 9 (obr. 5). Průměrná hodnota očekávané heterozygoty byla pro plemeno

italský ohař 0,639. Pro jednotlivé rázy jezevčků uvádí Přibáňová hodnoty heterozygotity v přehledné tabulce (obr. 6). Hodnoty se pohybují v rozsahu od 0,62 - 0,69. I přes použití odlišných genetických markerů tedy byla hodnota očekávané heterozygotity u plemene italský ohař podobná hodnotám jezevčků (průměrná $H_E = 0,66$) i jiným psím plemenům: Bedlington terier 0,56; zlatý retriever 0,62; Welsh corgi pembroke 0,64; německý ovčák 0,64 (Koskinen et Bredbacka, 2000), trochu vyšší hodnoty stanovil Ceh et Dovic (2014) pro balkánská plemena šarplaninec 0,77, kavkazský pastevecký pes 0,69 a Tornjak 0,71.

Variety	SS	SL	SW	MS	ML	MW
F_{XA} (%)	2.63	2.93	0.69	1.64	1.32	1.42
F_{XM} (%)	18.75	20.30	7.81	12.50	9.38	15.75
PIC	0.6436	0.5812	0.6441	0.6237	0.5748	0.6210
H_E	0.6880	0.6313	0.6909	0.6651	0.6154	0.6660
H_D	0.6515	0.6063	0.6962	0.6310	0.5849	0.6467
EP	0.4593	0.4032	0.4641	0.4463	0.4050	0.4379
HWE	*	*	*	NS	*	*
NPA	1	1	3	2	1	-

Dachshund varieties: SS, Standard Smooth-haired; SL, Standard Long-haired; SW, Standard Wire-haired; MS, Miniature Smooth-haired; ML, Miniature Long-haired; MW, Miniature Wire-haired; NS, not significant. *Value significant at $p \leq 0.001$.

Obr. 6: Hodnoty očekávané a pozorované heterozygotity pro jednotlivé rázy jezevčků (Přibáňová et al., 2009).

markerů různými autory. Nicméně tato hodnota je spíše vyšší ve srovnání s hodnotami publikovanými pro jiná plemena: greyhound 2,5 alely/lokus; labradorský retriever 3,3; německý ovčák 3,3 (Zajc et al., 1997); Andalusian hound 6,25; španělský galgo 6,5; maneto 7,0 (Morera et al., 1997); čeští jezevčci 7,6 (Přibáňová et al., 2009); 12 východoasijských psích plemen 7,75 (Kim et al., 2001); šarplaninec 5,9; Tornjak 5,8; kavkazský pastevecký pes 4,8; Newfoundland 4,2; Karst shepherd 3,3 (Ceh et Dovic, 2014). Genetická podobnost uvnitř populace (0,455) znamenala spíše nižší genetickou variabilitu (Ciampolini et al., 2011).

Locus	NA	NPA	PIC	H_E	H_D	EP	HWE	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
PEZ1	8	-	0.8236	0.8437	0.7290	0.6826	*	0.0448	0.1636	0.1244
PEZ3	9	1	0.8004	0.8239	0.6297	0.6496	**	0.2183	0.2462	0.0357
FHC2054	10	-	0.8584	0.8720	0.8165	0.7402	**	0.0041	0.0884	0.0846
FHC2010	4	-	0.6030	0.6633	0.5665	0.3960	**	0.0255	0.1861	0.1648
PEZ6	8	1	0.7002	0.7346	0.7263	0.5208	NS	-0.0289	0.0328	0.0600
PEZ8	8	2	0.6766	0.7224	0.6361	0.4812	**	0.0369	0.1503	0.1178
FHC2079	5	1	0.5750	0.6410	0.5443	0.3648	**	0.0740	0.1802	0.1147
PEZ5	5	1	0.6000	0.6634	0.6297	0.3957	NS	-0.0255	0.0800	0.1029
PEZ20	7	-	0.5955	0.6376	0.7057	0.4064	NS	0.0611	0.2010	0.1489
PEZ12	12	2	0.7696	0.7974	0.7041	0.6079	**	0.0383	0.1448	0.1107
Mean			0.7002	0.7399	0.6688	0.5245		0.0472	0.1469	0.1046

*Value significant at $p \leq 0.05$; **value significant at $p \leq 0.001$. NS, not significant.

Obr. 7: Průměrná hodnota počtu alel/lokus je 7,6. Další hodnoty ukazují například hodnoty heterozygotity, počet privátních alel nebo F hodnoty pro jednotlivé lokusy (Přibáňová et al., 2009).

Dle průměrné hodnoty F_{IS} je v populaci jezevčků celkově nedostatek heterozygotů v každé jednotlivé variantě. Nicméně byly pozorovány spíše nižší koeficienty inbreedingu v této populaci ve srovnání s německou (5,21 %) (Gresky et al., 2005) nebo americkou (3,67 %) (DeNise et al., 2004) populací jezevčků. Průměrná relativní odlišnost ve frekvenci alel mezi jednotlivými varietami byla 10,46 % ($F_{ST} = 0,1046$). Bylo také ověřeno rodičovství u 234 jedinců, rodičovství nekorespondovalo pouze ve třech případech.

	Over all loci	Dinucleotide loci	Tetranucleotide loci	Test of dependency from the type of locus	
				p	Significance
NA	6.44 ± 2.66	4.50 ± 1.05	7.60 ± 2.67	0.017	*
H_E	0.661 ± 0.114	0.586 ± 0.096	0.707 ± 0.103	0.036	*
H_D	0.672 ± 0.115	0.618 ± 0.128	0.704 ± 0.099	0.156	n.s.
F_{IS}	-0.012 ± 0.065	-0.035 ± 0.073	-0.002 ± 0.058	0.122	n.s.
PIC	0.609 ± 0.131	0.521 ± 0.108	0.662 ± 0.117	0.030	*

Values are given as $\bar{x} \pm SD$
n.s., Not significant.
*p < 0.05.

Obr. 8: NA - počet alel/lokus, očekávaná a pozorovaná heterozygotita, F_{IS} - koeficient inbreedingu (Lüpke et Distl, 2005).

Genetická variabilita byla zkoumána také u plemene hanoverský barvář. Studii na tomto plemeni provedli Lüpke et Distl v roce 2005. Navázali tak na svou práci z předchozího roku (Lüpke et Distl, 2004), kdy provedli analýzu tehdejší populace tohoto plemene. Zjistili, že plemeno bylo zatíženo vyšší hodnotou koeficientu inbreedingu (průměr 9,2 %) a že efektní velikost populace $N_e = 70,9$ překračovala kritickou hodnotu $N_e = 50$. Pro studii v roce 2005 bylo použito 16 vysoce polymorfních mikrosatelitů. Analyzováno bylo celkem 92 jedinců

Locus	Akbash (n = 33)			Kangal (n = 30)			KW (n = 15)			KB (n = 23)			KG (n = 9)			TG (n = 31)		
	Allele	H_e	H_o	Allele	H_e	H_o	Allele	H_e	H_o	Allele	H_e	H_o	Allele	H_e	H_o	Allele	H_e	H_o
FH2001	6	0.840	0.684	6	0.808	0.833	5	0.683	0.615	8	0.854	0.923	5	0.824	0.889	7	0.815	0.750
FH2161	5	0.789	0.818	8	0.823	0.733	7	0.708	0.539	11	0.836	0.913	5	0.758	0.667	9	0.809	0.625
FH2164	14	0.886	0.833	12	0.838	0.867	8	0.831	0.846	9	0.851	0.769	11	0.948	0.889	13	0.902	0.969
FH2247	24	0.950	0.976	26	0.957	0.967	15	0.954	0.923	21	0.953	1.000	9	0.909	0.889	23	0.950	0.969
FH2289	16	0.918	0.854	17	0.893	0.867	10	0.779	0.461	15	0.919	0.923	10	0.915	0.864	14	0.891	0.844
FH2324	17	0.917	0.758	19	0.918	0.867	11	0.877	0.692	12	0.863	0.826	12	0.954	0.901	11	0.880	0.813
FH2326	15	0.915	0.878	16	0.912	0.833	13	0.939	0.846	16	0.911	0.808	9	0.928	0.876	18	0.940	0.781
FHC2010	7	0.740	0.737	7	0.580	0.548	5	0.742	0.692	4	0.655	0.692	4	0.765	0.444	5	0.675	0.625
FHC2054	9	0.870	0.868	10	0.852	1.000	6	0.803	0.769	8	0.847	0.889	7	0.863	0.889	7	0.844	0.831
FHC2079	6	0.679	0.658	3	0.579	0.710	2	0.409	0.231	6	0.661	0.741	6	0.758	0.778	3	0.514	0.500
PEZ1	9	0.803	0.806	12	0.786	0.807	6	0.825	0.846	4	0.750	0.889	4	0.712	0.667	10	0.816	0.844
PEZ5	7	0.767	0.686	8	0.749	0.742	4	0.754	0.846	6	0.741	0.667	4	0.726	0.778	5	0.719	0.719
PEZ6	15	0.882	0.842	19	0.918	0.839	10	0.902	0.846	16	0.895	0.815	7	0.869	0.889	11	0.865	0.656
PEZ8	11	0.820	0.632	11	0.841	0.839	10	0.905	0.846	12	0.873	0.692	8	0.889	0.667	10	0.843	0.844
PEZ11	13	0.893	0.727	11	0.847	0.800	10	0.892	0.769	12	0.893	0.870	9	0.928	0.889	9	0.836	0.625
PEZ12	15	0.861	0.895	15	0.810	0.741	6	0.628	0.692	10	0.809	0.778	8	0.876	0.667	11	0.836	0.813
PEZ22	13	0.875	0.838	11	0.816	0.900	7	0.794	0.692	9	0.895	1.000	7	0.863	0.667	10	0.827	0.813
TF	2	0.504	0.559	2	0.509	0.400	2	0.443	0.308	2	0.485	0.409	2	0.400	0.250	2	0.482	0.516
Poa-1	2	0.395	0.529	2	0.325	0.400	3	0.489	0.500	2	0.426	0.500	2	0.458	0.625	2	0.252	0.290
Poa-3	2	0.479	0.706	2	0.503	0.633	2	0.271	0.308	2	0.495	0.455	2	0.533	0.500	2	0.389	0.452
Mean estimates	10.4	0.789	0.764	10.85	0.763	0.766	7.1	0.731	0.664	9.25	0.781	0.778	6.55	0.794	0.735	9.1	0.754	0.715

Obr. 9: Hodnoty očekávané a pozorované heterozygotity, průměrná heterozygotita a počty alel pro jednotlivé lokusy (Erdoğan et al., 2013).

plemene hanoverský barvář. V tabulce (obr. 8) jsou uvedeny hodnoty jednotlivých genetických ukazatelů. Z této tabulky vyplývá, že průměrné hodnoty H_E a H_O jsou vysoké i přes malou velikost populace a vysokou úroveň inbreedingu v posledních 50 letech. Genový pool plemene je vysoce variabilní i přesto, že populace prošla v historii dvěma bottlenecky (Lüpke et Distl, 2004). To autoři vysvětlují tím, že zvířata, na nichž byl chov hanoverských barvářů založen, byla geneticky velmi variabilní a tato variabilita byla díky správné plemenitbě zachována během posledních 50 - 100 let (Lüpke et Distl, 2005).

Erdoğan et al. (2013) provedl studii na genetickou variabilitu šesti původních tureckých plemen psů s pomocí 20 polymorfických lokusů (17 mikrosatelitů, 3 proteiny). Byly odebrány vzorky od celkem 141 jedinců (Kangal Shepherd dogs - 30, Akbash Shepherd dogs - 33, White Kars Shepherd dogs (KW) - 15, Black Kars Shepherd dogs (KB) - 23, Grey Kars Shepherd dogs (KG) - 9 a Turkish Greyhound (TG) - 31. V tabulce (obr. 9) jsou uvedena všechna plemena a hodnoty pro očekávanou a pozorovanou heterozygotitu pro jednotlivé lokusy. Všechny hodnoty jsou vysoké ve srovnání s těmi, které jsou uvedeny výše pro italské ohaře (Ciampolini et al., 2011) nebo jezevčíky (Příbáňová et al., 2009). Spíše se blíží výše uvedeným hodnotám balkánských plemen psů, které publikovali Ceh et Dovic (2014). Jako důvod těchto vyšších hodnot heterozygotity Erdoğan uvádí selekci nepříbuzných psů z různých regionů a také fakt, že studované lokusy obsahovaly více alel.

F-hodnoty uvedené v tabulce (obr. 10) ukazují, že koeficient inbreedingu (F_{IS}) dosahuje okolo 3,27 % pro každé analyzované plemeno a 5,12 % pro celou populaci. Tyto hodnoty byly statisticky významné a ukazují, že genetická variabilita u všech studovaných zvířat je vysoká. Průměrné hodnoty očekávané a pozorované heterozygotity pro jednotlivá plemena nebyly statisticky významné. Na základě hodnoty heterozygotity tedy není možné rozpoznat jednotlivá plemena. Průměrná hodnota

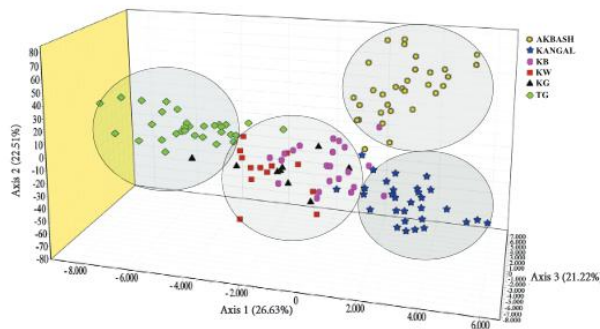
Locus	$F_B - f$	$F_T - F$	$F_{ST} - \theta$	N_{gm}
FH2001	0.0485	0.0533	0.0050	
FH2161	0.0781	0.0896	0.0124	
FH2164	0.0129	0.0212	0.0084	
FH2247	-0.0186	-0.0035	0.0148	
FH2289	0.0693	0.0887	0.0209	
FH2324	0.1033	0.1282	0.0278	
FH2326	0.0966	0.1038	0.0080	
FHC2010	0.0522	0.0590	0.0072	
FHC2054	-0.0434	-0.0285	0.0144	
FHC2079	-0.0320	0.0068	0.0376	
PEZ1	-0.0455	-0.0444	0.0011	
PEZ5	0.0322	0.0672	0.0362	
PEZ6	0.1019	0.1037	0.0021	
PEZ8	0.1177	0.1490	0.0355	
PEZ11	0.1343	0.1519	0.0203	
PEZ12	0.0292	0.0463	0.0176	
PEZ22	-0.0027	0.0089	0.0116	
TF	0.0763	0.1058	0.0320	
Poa-1	-0.2302	-0.2189	0.0091	
Poa-3	-0.2124	-0.0937	0.0979	
Mean estimates	0.0327 (0.016)***	0.0512 (0.016)***	0.0192 (0.003)***	12.8

f, estimation of pure breeding within the population; *F*, estimation of total pure breeding; θ , measure of population differentiation. The standard deviation is given in parentheses.
****P* < 0.001, from permutation tests in the TTPGA programme.

Obr. 10: Hodnoty F-statistik pro všechna studovaná plemena a všechny studované lokusy (Erdoğan et al., 2013).

F_{ST} (genetická diferenciace mezi plemeny) byla spočítána na 1,92 %. Tato hodnota naznačuje, že jednotlivé populace mají trochu odlišnou genetickou strukturu. Pokud se populace rozmnožují náhodně, geny jsou rovnoměrně rozloženy jak mezi jedinci, tak mezi populacemi a F -hodnoty se rovnají 0. Pokud je významný rozdíl mezi F_{ST} a F_{IT} , znamená to, že populace se náhodně nemnoží. Pokud se vyhneme páření příbuzných jedinců, hodnoty F_{ST} jsou pozitivní a překračují hodnoty F_{IT} a F_{IS} . Obecně řečeno, pokud je hodnota F_{IS} pozitivní, mohl by to být důkaz inbreedingu (Erdoğan et al., 2013).

Na obr. 11 jsou graficky znázorněny vztahy mezi jedinci a populacemi pomocí programu



Obr. 11: Výstup z programu Genetix - 3D faktoriální korespondenční analýza. Plemena regionu Kars jsou zařazena do jednoho klastru (Erdoğan et al., 2013).

GENETIX ve 3D faktoriální korespondenční analýze. Tato analýza rozdělila všechny populace do 4 klastrů. Zřetelně oddělená byla plemena Akbash, Turkish Greyhound a Kangal. Plemena KB, KW a KG byla graficky sloučena do jednoho klastru i přes jejich výraznou fenotypickou odlišnost. Z rozdělení je patrné, že plemeno Greyhound je příbuznější

s plemeny z regionu Kars než s ostatními dvěma plemeny (Akbash, Kangal). I přesto, že Greyhound není pasteveckým plemenem, dochází mezi ním a ostatními plemeny k výraznému genovému toku. To může být způsobeno nedostatečným dohledem nad pářením mezi jedinci různých populací (plemen) (Erdoğan et al., 2013).

Také Pedersen et al. provedl v roce 2013 srovnávací studii psích plemen. Studie byla zaměřená nejen na srovnání jednotlivých plemen jako takových, ale také výstavních a pracovních linií těchto plemen. Plemena vybraná kvůli fenotypu byla královský pudl, italský chrtík a výstavní irský setr. Plemeno vybrané kvůli spojení výkonu i vzhledu bylo bretaňský ohař. Převážně pracovní plemena byla německý krátkosrstý a drátosrstý ohař

Population	Type	n	He	Ho	No. alleles
Taiwan	v	63	0.806	0.799	9.1
Iran	v	233	0.798	0.778	10.8
Cook Islands	v	65	0.792	0.743	9.0
Thailand	v	49	0.792	0.729	8.9
Brunei	v	24	0.784	0.769	7.5
Philippines	v	18	0.777	0.777	6.8
Bali	v	72	0.761	0.716	9.2
Ger. WH. Pointer	p, c	11	0.730	0.716	5.1
Ger. SH. Pointer	p, c	36	0.720	0.707	6.2
Eng. Setter (field)	p	13	0.655	0.685	4.7
Brittany	p, c	72	0.654	0.627	6.5
Red setter	p	17	0.625	0.620	4.8
Std. poodles	c	149	0.615	0.576	6.8
Italian greyhound	c	77	0.597	0.570	5.1
Eng. Setter (show)	c	36	0.463	0.432	3.7

Obr. 12: Hodnoty očekávané a pozorované heterozygoty a počty alel/lokus; v - vesniční psi, p - výkon, c - vzhled (Pedersen et al., 2013).

a plemena výhradně pracovní byla pracovní anglický setr a irský červenobílý setr. Jako standard byli použiti moderní vesničtí psi. Pro studii bylo použito 24 mikrosatelitových markerů. V tabulce (obr. 12) jsou viditelné počty odebraných vzorků u jednotlivých plemen a také hodnoty očekávané a pozorované heterozygotity a počty alel/lokus. Analýzy prokázaly, že výstavní plemena byla geneticky vzdálená plemenům šlechtěným pro práci. Také v rámci plemene bretaňský ohař (Pedersen et al., 2013) a azorská fila (Pires et al., 2009) byla pozorována výrazná diverzifikace mezi jedinci pracovními a výstavními. Pedersen dále uvádí, že všechna moderní plemena vykazují sníženou genetickou diverzitu ve srovnání s jejich vesnickými příbuznými. Diverzita byla ještě nižší u plemen selektovaných kvůli fenotypu - u výstavních plemen. Nebyl ovšem významný rozdíl mezi vesnickými, pracovními a výstavními psy v hodnotě F_{IS} . Při rozdělení na jednotlivé klastry s pomocí programu STRUCTURE bylo nejdříve ($K = 2$) viditelné oddělení výstavních anglických setrů. Poté se oddělili bretaňští ohaři, pak oba němečtí ohaři a nakonec obě plemena setrů (irský červenobílý a pracovní verze anglického setra). Byla zjištěna velká míra sdílení alel mezi sedmi plemeny, která byla původně šlechtěna pro přinášení a vystavování, a měla dlouhou společnou historii. Plemeno italský chrtík tyto alely nesdílel, což naznačuje vzdálený původ (Pedersen et al., 2013).

Inbreeding znamená páření mezi příbuznými jedinci. Zvyšuje homozygotnost populace neboť jedinci, kteří jsou si příbuzní, jsou si geneticky podobnější, než jedinci nepříbuzní. Škodlivým vlivem inbreedingu je inbrední deprese. Dochází při ní ke vzrůstající homozygotnosti recesivních alel a tedy i ke genetickým chorobám těmito alelami způsobeným. Shinkarenko et

Locus	Observed heterozygosity H_O	Expected heterozygosity H_E	Wright's fixation index F_{IS}
PEZ1	0.296	0.261	-0.134
FHC2054	0.778	0.771	-0.009
FHC2010	0.667	0.549	-0.215
PEZ5	0.778	0.604	-0.288
PEZ20	0.630	0.489	-0.288
PEZ12	0.889	0.760	-0.169
PEZ3	0.963	0.725	-0.328
PEZ6	0.704	0.604	-0.166
PEZ8	0.444	0.455	0.024
FHC2079	0.333	0.331	-0.006
Average	0.648	0.555	-0.168

Obr. 13: Hodnoty očekávané a pozorované heterozygotity a hodnoty F_{IS} pro všech 27 jedinců (Shinkarenko et al., 2010).

al. v roce 2010 provedl výzkum u 27 amerických pitbull teriérů, kteří si byli blízce příbuzní. Pro studium DNA polymorfismů u dané skupiny psů bylo vybráno 10 mikrosatelitových lokusů. Průměrná hodnota koeficientu inbreedingu zjištěná z rodokmenů, u těchto psů dosahovala 26,4 %, což je považováno za úzkou příbuzenskou plemenitbu. U šesti jedinců dokonce hodnota inbreedingu přesáhla 40 %, což je velmi vysoká hodnota odpovídající páření sourozenců nebo rodičů a potomků. Cílem studie bylo zjistit, jestli má úzká příbuzenská plemenitba vliv na hodnoty heterozygotity. Bylo spočítáno 2 - 7 alel/lokus. I přes

vysokou míru příbuznosti byla pozorovaná heterozygotnosto 10 % vyšší, než se očekávalo u tohoto stupně inbreedingu. Téměř ve všech lokusech hodnota H_O překračovala hodnotu H_E a tuto skutečnost potvrzují i záporné hodnoty F_{IS} (obr. 13). Autoři to vysvětlují malým počtem vzorků nebo přítomností selekčního mechanismu, který zabraňuje splnutí gamet v homozygotní sestavě (Shinkarenko et al., 2010).

AKC group	Breed	n^a	H_B^a	SD_H^a	No. of AKC registrations/year
Herding	Pembroke Welsh corgi	45	.630	.017	9,340
	Belgian tervuren	42	.650	.017	479
	Border collie	44	.669	.018	1,572
Hound	Australian shepherd	45	.696	.012	6,093
	Borzoï	39	.605	.021	928
	Norwegian elkhound	45	.623	.015	1,179
	Rhodesian ridgeback	44	.647	.015	2,362
	Greyhound	44	.648	.017	183
Nonsporting	Bulldog	42	.581	.020	14,396
	Keesbond	36	.650	.015	1,588
	Chow chow	40	.666	.017	5,307
	American Eskimo dog	41	.686	.014	519
Sporting	Weimaraner	36	.614	.017	8,407
	Labrador retriever	44	.641	.016	162,020
	Golden retriever	39	.657	.016	65,458
	Brittany spaniel	44	.666	.014	9,261
Terrier	Bull terrier	44	.387	.021	1,029
	Miniature bull terrier	33	.474	.019	133
	Airedale terrier	41	.515	.020	3,110
	Jack Russell terrier	29	.758	.012	1,134
Toy	Pug	42	.566	.017	22,253
	Yorkshire terrier	45	.684	.018	42,093
	Papillon	43	.698	.013	3,646
	Pomeranian	39	.705	.014	34,709
Working	Boxer	43	.474	.023	37,046
	Doberman pinscher	38	.527	.017	14,925
	Bernese mountain dog	41	.543	.019	2,145
	Akita	42	.642	.018	7,138

^a Values ranked alphabetically by AKC breed group and by ascending H_B values.

^a Values averaged for the 100 microsatellite markers tested.

Obr. 14: n^a - počet jedinců, H_B^a - plemenná heterozygotita, SD_H^a - odchylka od standardní heterozygotity (Irion et al., 2003).

Parker et al. (2004) pozoroval genetickou variabilitu u 414 čistokrevných psů patřících do 85 plemen pomocí 96 mikrosatelitových lokusů. Irion et al. v roce 2003 použil pro svoji studii genetické variability 28 plemen (obr. 14) 100 mikrosatelitových markerů. Parker et al. (2004) předpokládal, že díky existenci bariér mezi plemeny si budou psi v rámci jednoho plemene více geneticky podobní než psi napříč plemeny. Průměrná genetická vzdálenost mezi plemeny (hodnota F_{ST}) byla spočítána na 0,33. Bylo potvrzeno, že jedinci byli rozdělení do jednotlivých klastrů podle plemenné příslušnosti. Pouze ve čtyřech plemenech došlo k chybnému zařazení některých jedinců. Mezi těmito plemeny byl také německý krátkosrstý ohař. Také na základě zařazení jedinců do populací pouze s pomocí známých genotypů nebyli správně zařazení pouze 4 jedinci a dva z nich byli opět němečtí krátkosrstí ohaři. Nicméně závěry této studie tvrdí, že jednotlivá plemena jsou od sebe dobře rozlišitelná a jedinci mohou být do populace zařazení pouze na základě genotypu. Tato úroveň divergence je překvapivá vzhledem k relativně nedávnému oddělení moderních plemen do izolovaných populací. Klastrování také naznačuje, že toulaví psi (nežádoucí u čistokrevných plemen) z oblasti Asie v minulosti migrovali spolu s lidmi na jih (severní Afrika) i na sever (Arktida) (Savolainen et al., 2002; Leonard et al., 2002; Sablin et al., 2002). To by vysvětlovalo společné zařazení do jednoho klastru pro plemena ze středního východu, Číny, severní Afriky, Japonska a arktických oblastí. Analýzou molekulární variability (AMOVA) v mikrosatelitových datech se ukázalo, že variabilita mezi jednotlivými plemeny je více než 27% z celkové genetické variability (Parker et al., 2004).

Parker svou studii potvrdil práci Koskinena (2003), který pomocí 10 mikrosatelitů a klastrovacích metod úspěšně rozlišil 250 jedinců psa domácího, a to ve 100 % případů. V Koskinenově studii vyšla průměrná hodnota $F_{ST} = 0,18$, v Irionově pak vyšla průměrná $F_{ST} = 0,23$. Průměrná očekávaná heterozygotita v Parkerově studii měla hodnotu 0,60, což je hodnota velmi blízká té, kterou ve své studii publikoval také Irion (0,618). Koskinen dále stanovil, že 50 jedinců z každé populace stačí pro 100 % správné zařazení všech jedinců do příslušných populací. Odmítl tak zažité tvrzení, že metody identifikace jedinců založené na DNA nejsou vhodné pro rozlišení na úrovni jedince. Irion zjistil korelaci mezi datem registrace plemene v AKC a hodnotou průměrné heterozygotity. Plemena zapsaná později vykazovala o 19 % vyšší průměrnou heterozygotitu než plemena zapsaná dříve. Výše uvedený počet 50 jedinců/plemeno ve své studii splnili i Streitberger et al. (2011), který zjišťoval genetickou diverzitu tří rázů kníračů a jejich srovnání s dalšími devíti psími plemeny (akita, chow chow, boxer, německý pinč, německý ovčák, hovawart, šarpej, tibetský teriér, výmarský ohař). Celkem bylo odebráno 597 vzorků a zkoumáno bylo 19 mikrosatelitů. Počet alel/lokus se pohyboval v rozmezí 10 - 41. Průměrná hodnota byla pro všechna plemena 8,70, s minimem pro německého pinče a výmarského ohaře (6,9) a s maximem pro šarpeje (11,5). Průměrná pozorovaná heterozygotita pro jednotlivá plemena byla v rozmezí 0,62 - 0,76, zatímco průměrná očekávaná heterozygotita se pohybovala v rozmezí 0,62 - 0,79 (průměr 0,72). Asijská plemena vykazovala vyšší genetickou variabilitu než ostatní plemena i přesto, že hodnoty H_O a H_E byly u těchto tří asijských plemen téměř totožné. To může být vysvětleno jejich křížením v počátečních obdobích vzájemného oddělování, konkrétně mezi plemeny šarpej a chow chow. Plemeno šarpej vykazovalo nejvyšší hodnoty pro počet alel/lokus, pro H_E i významné hodnoty F_{IS} , které naznačují, že je plemeno inbrední. To potvrzují také historické záznamy, které uvádí několik bottlenecků, kterými plemeno prošlo. Také u plemen středního a malého knírače byly hodnoty F_{IS} statisticky významné. Tyto hodnoty mohou být, kromě inbreedingu, vysvětleny ještě blízkou příbuzností odebraných jedinců (tento jev byl však minimalizován strategií vzorkování), skrytou populační strukturou nebo širokým uplatňováním jen několika málo oblíbených chovných psů v chovu. Průměrná hodnota F_{ST} byla 0,19. Skrytá populační substruktura pozorovaná u středních a malých kníračů mohla být způsobena přetrvávajícími původními polymorfismy od zakládajících jedinců plemene nebo z důvodu nedávného meziplemenného křížení pro zlepšení žádoucích vlastností zvýšením genetické variability (Streitberger et al., 2011). Navíc, oddělené linie uvnitř plemene mohou být vytvořeny selekcí na určitý znak, jako je velikost nebo barva, nebo výkon/fenotyp. Tato disruptivní selekce zachovává extrémní a průměrné jedince vyřazuje. To může vést

kvýraznému klastrování uvnitř plemene (Streitberger et al., 2011; Björnerfeldt et al., 2008). U českých fousků je také udržována liniová plemenitba, tedy jakási vnitřní diferenciacce plemene, nicméně u všech linií je zachována standardní výška i vzhled (viz přílohy) (Kuhn, 2005). Naopak u výmarských ohařů nebyla zaznamenána žádná vnitřní struktura i přesto, že analyzované vzorky obsahovaly 45 dlouhosrstých a 5 krátkosrstých jedinců. To mohlo být způsobeno malým počtem vzorků nebo nevhodností použitého panelu 19 mikrosatelitů (Streitberger et al., 2011). Björnerfeldt et al. (2008) provedli studii na plemeni pudl, které je navzdory rozdělení do čtyř rázů podle velikosti a pěti typů podle barvy, stále registrováno jako jedno plemeno. U tohoto plemene byla použita právě disruptivní selekce, jak je uvedeno výše, a to selekce na výšku i barvu. Tato selekce pak může vést ke vzniku vnitřní struktury v plemeni. Pro studii byly odebrány vzorky od 164 jedinců ze Švédska a bylo použito 27 mikrosatelitových lokusů. Plemeno bylo srovnáváno s jinými plemeny psů i s jednotlivými rázy v rámci plemene. Průměrný počet alel/lokus pro plemeno pudl byl 4,4, průměrná $H_E = 0,64$, průměrná $H_O = 0,56$ a průměrný $F_{IS} = 0,133$. Tento nedostatek heterozygotnosti se projevoval ve všech lokusech napříč genomem a může být vysvětlen preferenčním používáním jen určitých jedinců v chovu nebo vnitřní strukturou plemene. Pro zjištění této posledně jmenované skutečnosti byl stanoven F_{ST} . Velký pudl byl velmi dobře oddělen od ostatních rázů ($F_{ST} = 0,184 - 0,234$) což naznačuje pouze omezený genový tok mezi nimi. Trpasličí a toy pudl byli od sebe nerozlišitelní na základě hodnoty F_{ST} . To bylo potvrzeno také znázorněním v programu STRUCTURE, kdy byli při $K = 2$ odděleni nejprve velcí pudli a ostatní rázy spadaly do jednoho klastru. Možné vysvětlení této skutečnosti je bottleneck, který, oproti menším rázům, snížil diverzitu velkých pudlů. Oddělení velkých pudlů od ostatních rázů bylo natolik výrazné, jako oddělení jednotlivých plemen mezi sebou (Björnerfeldt et al., 2008).

Schelling et al. provedli v roce 2004 ve Švýcarsku srovnání sedmi psích plemen uznaných FCI (cairn terier, jezevčík, flat-coated retriever, malý kontinentální španěl, sibiřský husky, maďarský krátkosrstý ohař a whippet) a testovacím vzorkem obsahujícím plemena americký stafordšířský teriér, stafordšířský bulterier, a křížence podobné posledním dvěma jmenovaným. Bylo odebráno celkem 327 vzorků neinvazivní metodou - stěry bukální sliznice. Pro studii bylo použito 26 mikrosatelitových markerů, ze kterých ale bylo 5 později z různých důvodů vyloučeno. Zjištěná hodnota F_{IS} se pohybovala mezi 0,16 (maďarský krátkosrstý ohař) a 0,72 (jezevčík). Tyto hodnoty znamenají vyšší míru homozygotity, která může být způsobena přítomností nulových alel nebo příliš malým počtem vzorků. Podobnou studii

provedli také Pires et al. (2009) na plemenech psů z Portugalska, Španělska a severní Afriky. Pro tuto studii bylo použito 16 mikrosatelitových lokusů a cílem bylo zjistit genetickou variabilitu mezi těmito plemeny psů. Počet alel/lokus kolísal v rozmezí 6 - 33. Hodnota průměrné očekávané heterozygotity dosahovala od 0,63 (portugalský ohař) do 0,81 (psi z Tuniska). Hodnoty pozorované heterozygotity se pohybovaly mezi 0,60 (portugalský ohař) a 0,89 (psi z Tuniska). Nejmenší genetická diverzita byla prokázána mezi plemeny portugalského ohaře a portugalského pasteveckého psa. Naopak nejvzdálenější původ prokázala plemena estrelského pasteveckého psa a arabského chrta. Bylo zjištěno, že diferenciaci jednotlivých plemen se sníží o 2,2 %, pokud jsou do datasetu zahrnuti také pracovní varianty studovaných plemen. Příležitostné použití těchto pracovních psů v chovu jednotlivých plemen může vést ke zvýšení genetické variability, vyšší heterozygotitě a tím také nižší diferenciaci. Také relativně nedávné oddělení jednotlivých portugalských plemen (polovina 20. století) může být příčina nižší diferenciaci.

Také v Koreji byla provedena srovnávací studie plemen za pomoci mikrosatelitů. V tomto případě se Kang et al. (2009) zaměřili na 5 plemen psů. Dvě z nich jsou široce rozšířená a oblíbená plemena Poongsan a Jindo, zbylá tři plemena byla německý ovčák, greyhound a beagle. Průměrný počet alel/lokus se pohyboval v rozmezí 7,7 (německý ovčák) - 15,4 (Poongsan). Průměrná hodnota pozorované heterozygotity byla nejmenší pro německého ovčáka (0,65) a nejvyšší pro plemeno beagle (0,78). Také očekávaná heterozygotita byla nejnižší u německého ovčáka (0,71), nejvyšší ovšem byla pro plemeno Jindo (0,85). Bylo zjištěno, že korejská plemena mají vyšší genetickou diverzitu ve srovnání s evropskými plemeny. To by mohlo být způsobeno vysoce variabilním genovým poolem pro korejská plemena a/nebo intenzivní selekcí, inbreedingem a malým počtem zakládajících zvířat u evropských plemen. Variabilnější genový pool korejských plemen je pravděpodobně dán jejich historií. Obě plemena (Poongsan i Jindo) byla vyšlechtěna pro lovecké účely místními obyvateli před stovkami let z větší populace a s použitím mírnější selekce než tomu bylo u evropských plemen. Navíc korejská plemena mají kontrolovaný chov kratší dobu než evropská plemena. Největší meziplennou odlišnost vykazovalo plemeno německého ovčáka ($F_{ST} = 0,09 - 0,142$).

Dosavadní studie se zabývaly mnoha plemeny psů nicméně jen velmi málo z nich bylo provedeno pouze na loveckých plemenech, konkrétně ohařích. Parra et al. se tedy ve své studii z roku 2008 zaměřil na tento typ psů, kdy zkoumal genetické vztahy mezi pěti plemeny ohařů v souvislosti s jejich historií. Tato plemena byla anglický setr (ES), pointer (EP),

bretaňský ohař (EB), německý drátosrstý ohař (DD) a německý krátkosrstý ohař (NKO). Ke zjištění genetické diverzity byly použity tři typy molekulárních markerů - autosomální mikrosatelity (21), mtDNA a mikrosatelity Y-chromozomu (4). Bylo analyzováno celkem 173 jedinců ze Španělska - 31 NKO, 10 DD, 16 EB, 50 EP, 66 ES. Rozsah počtu alel/lokus byl 3 - 29 (průměr 11,2). Hodnota F_{IS} byla stanovena pro DD -0,02, pro EP 0,02, pro NKO 0,03, pro EB 0,037 a nejvyšší hodnota 0,041 pro ES. Záporná hodnota u plemene DD naznačuje vyšší zastoupení heterozygotů v populaci. Celkově jsou zjištěné hodnoty F_{IS} pro jednotlivá plemena nízké. To by mohlo být způsobeno původem psů ze zvířat, která měla velkou genetickou diverzitu, probíhal silný genový tok mezi populacemi a/nebo mají psi mikrosatelity velkou mutační rychlost (Irion a kol, 2003). Parra dále ve své studii uvádí, že průměrná hodnota F_{ST} byla 0,112, což je relativně vysoká hodnota. Podobně vysoké F_{ST} byly zjištěny například u východoasijských psů (0,154), které publikoval Kim et al. (2001). Pozorované hodnoty očekávané heterozygotity (0,617- 0,683) naznačují silný podíl různých jedinců, avšak tyto jedinci vzešli ze společného předka (Arkwright, 1902). Tato heterozygotita je vyšší než v jiných studiích, například 0,31 u východoasijských psů (Kim et al., 2001). Plemeno anglického setra bylo při rozdělení do klastrů odděleno jako první ($K = 2$) stejně jako ve studii, kterou publikoval Pedersen et al. v roce 2013. Mezi plemeny NKO a DD byl zjištěn nedostatek genetické diverzity jak v rámci Y-chromozomu (otcovská linie), tak pomocí mtDNA (mateřská linie). To odpovídá hypotéze, že tato plemena mají stejný původ, a to přes místní feny nebo přes feny s krví starošpanělských ohařů (mateřská linie) a přes psy německých krátkosrstých ohařů (otcovská linie), jako prevenci silného inbreedingu (Parra et al., 2008).

Leroy et al. (2009a) zjišťoval meziplemené vztahy u 61 čistokrevných plemen registrovaných ve Francii. Bylo sledováno 21 mikrosatelitových markerů. Celkem bylo analyzováno 1514 jedinců a to jak s pomocí molekulárních markerů, tak také analýzou rodokmenů. Jediná další studie užívající oba typy analýz byla provedena v roce 2005 autory Lüpken et Distlem. V Leroyově studii byl zjištěn počet alel/lokus v rozmezí 7 - 18. Nejnižší hodnota očekávané heterozygotity byla zjištěna u plemene bull teriér (0,37), nejvyšší pak u plemen Cursinu a Jack/Parson Russell teriér (0,77), průměrná hodnota 0,62. V této studii bylo zařazeno také několik plemen ohařů, včetně plemen KG a NKO, pro které byla stanovena hodnota heterozygotity 0,69 a 0,70. Hodnota A_r (allelic richness) byla nejnižší u plemene bull teriér (3,2), nejvyšší pak u plemene Cursinu (6,9), průměr byl 4,56. Hodnota F_{IS} se pohybovala od -0,1 (bull teriér) do 0,17 (pucl). Do své další studie (Leroy et al., 2009b) autoři zařadili také

skupinu 14 evropských vlků z různých zoo. Vzorky vlků nevykazovaly významnou podobnost s žádným psím plemenem, ani s těmi, v nichž byl vlk přikřížen (československý vlčák, Saarlosův vlčák). Plemena vykazující nižší průměrnou genetickou vzdálenost od ostatních plemen měla zároveň vysoké hodnoty heterozygotity a naopak plemena s nízkou heterozygotitou byla od ostatních plemen izolována.

4 Materiály a metody

4.1 Mikrosatelity

Mikrosatelity jsou oblíbeným molekulárním ukazatelem populační genetiky a evoluce, který je neutrální vzhledem k selekci (Beebee a Rowe, 2008). Jsou to fragmenty DNA různé velikosti, detekovatelné po amplifikaci v PCR (polymeraze chain reaction - polymerázová řetězová reakce) a nejčastěji vizualizované pomocí fluorescenčně značených primerů a fragmentační analýzy. Fragmenty se liší v počtu opakování a délce polymorfizmů (2 - 6 bází). Lokusy mikrosatelitů mají obvykle vysokou mutační rychlost a díky tomu jsou vysoce polymorfní (Goldstein et al., 1995). Například pro zjišťování vztahů mezi vlky a psy bylo provedeno několik studií s pomocí mtDNA (Savolainen a kol, 2002; Leonard et al., 2002; Vilá et al., 1997). Její evoluce je ale příliš pomalá pro zjištění vztahů mezi moderními plemeny psů, z nichž většina existuje méně než 400 let (Parker et al., 2004).

Mikrosatelity se taktéž uplatňují při identifikacích jedinců. Jsou to v podstatě genetické otisky prstů, což se využívá při forenzních analýzách nebo při určování rodičovství. Tyto markery jsou vhodné pro výzkumy populační struktury, dokáží zhodnotit příbuznost a genetickou strukturu mezi populacemi a jedinci (Chapuis et Estoup, 2007; Leroy et al., 2009), stejně jako pro mapování genomu (Ellegren, 2004).

U psů je dostupných mnoho mikrosatelitových markerů, ale stále je zde nedostatek dat pro zodpovězení všech otázek ve srovnání s jinými druhy jako je například skot. Pro přiřazení genotypu určité populaci nebo pro zjištění vztahů mezi jedinci je vyžadováno znát co nejvíce informací o frekvencích genotypů a alel a mutační rychlosti (Schelling et al., 2005). Porozumění genetickým vztahům mezi jednotlivými plemeny také pomůže osvětlit domestikaci historii psů (Parker et al., 2004).

4.2 Sběr vzorků

Sběr vzorků probíhal v letech 2012-2014. Vzorky byly odebírány neinvazivní metodou - stěrem z bukální sliznice - hlavně na výstavách psů, na zkouškách z výkonu, honech a několik vzorků bylo také získáno přímo ze zahraničí od jednotlivých chovatelů prostřednictvím poštovních zásilek (Holandsko, Kanada, USA, Nový Zéland, Slovensko, Polsko, Belgie, Německo, Norsko, Švédsko, Španělsko). Jednotliví chovatelé byli písemně poučeni o tom, jak stěr správně provést a jak vzorek uchovat, aby byl chráněn před kontaminací a plísní. Bylo odebráno celkem 414 vzorků, z toho 213 českých fousků, 118 německých drátosrstých ohařů, 42 německých krátkosrstých ohařů, 39 Korthalsových grifonů, 1 kříženec ČF x NKO a 1 kříženec ČF x DD. Nebylo provedeno žádné třídění vzorků, v datasetu se tedy mohou objevit příbuzní jedinci. Jedinci KG byli získáni ve většině případů z USA, pouze 3 vzorky jsou z Kanady. Jak je uvedeno v přílohách, plemeno je registrováno hned několika kluby, jeden z nich (WPGCA) provádí přilévání krve českých fousků do plemene KG, jedinci pocházející z tohoto klubu jsou tedy s fousky v některých případech silně příbuzní.

4.3 Extrakce DNA

Dalším krokem byla izolace DNA. Byl použit Genomic DNA Mini Kit (Tissue) (www.geneaid.com). Jedná se o genomickou sadu k extrakci DNA upravený k purifikaci z různých tkání živočichů. Tento set obsahuje proteinázu K, která způsobuje lýzu buněk a degraduje proteiny. V dalším kroku je DNA navázána na filtr ze skelných vláken, umístěný ve sběrné zkumavce. Poté je přidán wash buffer z důvodu důkladného promytí zachycené DNA. Nakonec se přidá elution buffer, který DNA z filtru uvolní a tato je při centrifugaci zachycena v nové, sterilní zkumavce. Všechny postupy byly prováděny v souladu s návodem, přibaleným k sadě. Laboratorní práce byly provedeny na České zemědělské univerzitě v Praze. Na závěr byla ještě zjištěna koncentrace DNA v každém vyizolovaném vzorku s pomocí přístroje NanoDrop 2000 Spectrophotometer. Vzorky s příliš nízkou koncentrací byly vyřazeny, do dalších laboratorních kroků postoupily pouze ty, které měly koncentraci ≥ 1 ng/ μ l. Vzorky byly poté uchovávány v mrazáku (-20°C).

4.4 PCR

Po izolaci DNA bylo přistoupeno k namnožení požadovaných úseků DNA pomocí polymerázové řetězové reakce (PCR). PCR kit obsahoval Master mix a následujících 19 mikrosatelitů, které byly vyvinuty v Finnzymes Diagnostics ve Finsku: AHTk211, CXX279,

REN169O18, INU055, REN54P11, INRA21, AHT137, REN169D01, AHTh260, AHTk253, INU005, INU030, Amelogenin, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04, AHTh171 a REN247M23 (tab. 1).

Vždy jeden primer z primerového páru je na konci označen fluorescenční značkou. Lokus Amelogenin je lokalizován na XY chromozomu a určuje pohlaví daného jedince (Instruction Manual Canine genotypes Panel 1.1 F-860S/L).

Název lokusu	Chromozom	Motiv opakování	Rozsah velikosti (bp)	Barevné označení
AHTk211	26	di	79-101	modrá
CXX279	22	di	109-133	modrá
REN169O18	29	di	150-170	modrá
INU055	10	di	190-216	modrá
REN54P11	18	di	222-244	modrá
INRA21	21	di	87-111	zelená
AHT137	11	di	126-156	zelená
REN169D01	14	di	199-221	zelená
AHTh260	16	di	230-254	zelená
AHTk253	23	di	277-297	zelená
INU005	33	di	102-136	černá
INU030	12	di	139-157	černá
Amelogenin	XY	-	174-218	černá
FH2848	2	di	222-244	černá
AHT121	13	di	68-118	červená
FH2054	12	tetra	135-179	červená
REN162C04	7	di	192-212	červená
AHTh171	6	di	215-239	červená
REN247M23	15	di	258-282	červená

Tab. 1: Seznam primerů; názvy lokusů, pozice na chromozomu, motiv opakování, rozsah velikosti a fluorescenční barevné označení.

Složení reakční směsi bylo následující: 3 μ l ($c = 10 \mu$ M) fluorescenčně značených primerů (forward a reverse), 3 μ l PCR Master mix a 0,7 μ l izolované genomické DNA. PCR proběhla v termocykléru Mastercycler Eppendorf Gradient s teplotním protokolem daným výrobcem:

Teplotní cyklický program:

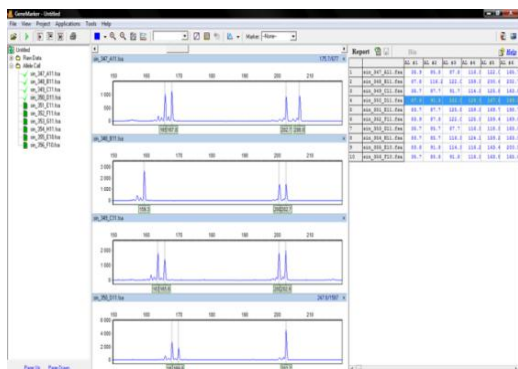
- 1) 98 °C po dobu 3 min
- 2) 98 °C po dobu 15 sec

- 3) 60 °C po dobu 75 sec
- 4) 72 °C po dobu 75 sec
- 5) Zpět ke kroku 2; opakovat 29 x
- 6) 72 °C po dobu 5 min

Posledním laboratorním krokem byla fragmentační analýza. Směs pro fragmentaci obsahoval 9 µl formamid, 0,5 µl hmotnostního standardu (Gene Scan™ 500 LIZ Size standard, Applied Biosystems) a 0,5 µl PCR produktu. Tato směs byla po namíchání inkubována 5 minut při teplotě 95 °C, poté schlazena na 4 °C a uchovávána v mrazáku při -20 °C. Fragmentační analýza byla prováděna v sekvenační laboratoři Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze na sekvenátoru ABI Prism 3100 Avant Genetic Analyser (Applied biosystems) s polymerem POP4 a standardem DS-33.

4.5 Analýza dat

Délka každé alely byla manuálně zkontrolována v počítačovém programu GENEMARKER V2.2.0 (SoftGenetics, StateCollege, PA, USA) a zpracována v programu Microsoft Excel jako přehledná tabulka. Všechna data byla zaokrouhlena v programu AUTOBIN (www.bordeaux-aquitaine.infra.fr/biogeco/Ressources/Logiciels/Autobin).



Obr. 15: Jednotlivé délky mikrosatelitů byly ručně odečteny v programu GeneMarkerV2.2.0 a zaznamenány do tabulky v programu Microsoft Excel.

Základní vizualizace vztahů mezi jedinci a populacemi byla znázorněna pomocí programu GENETIX (Belkhir et al., 1996 - 2004), použitím 2D a 3D faktoriální korespondenční analýzy. Jedinci byli rozděleni do několika skupin (populací) podle jednotlivých plemen. Pro detekci genetické struktury populací byla použita Bayesiánská klastrovací metoda provedená v programu STRUCTURE 2.3.. Tento program provádí klastrování na základě genotypových dat sestávajících z rozdílných markerů. Tuto metodu vyvinul Pritchard et al. (2000). Užití této metody zahrnuje znázornění přítomnosti populační struktury, identifikaci odlišných genetických populací, zařazení jedinců do populací a identifikaci migrujících a hybridních jedinců (Pritchard et al., 2000). Největší podpora pro jednotlivé klastry pak byla zjištěna pomocí online aplikace STRUCTURE HARVESTER (Earl et vonHoldt, 2012).

Pro zjištění základních statistických údajů byl použit program GENEALOX 6.501 (Peakall et Smouse 2006, 2012), kde byly vypočítány hodnoty očekávané a pozorované heterozygoty a analýza molekulární variance. Program GENEPOP, verze 4.2 (Raymond et Rousset, 1995; Rousset, 2008) byl použit pro stanovení F-statistik (F_{IS} , F_{ST}). Koeficient inbreedingu (F_{IS}) popisuje snížení heterozygoty v důsledku příbuzenského křížení mezi jedinci. Rozsah možných hodnot je od -1, kdy v populaci nejsou přítomní žádní homozygoti, až do +1, kdy nejsou přítomní žádní heterozygoti. Hodnota F_{ST} se nazývá fixační index a měří redukci heterozygotnosti subpopulace k celkové populaci. K této redukci dochází vlivem genetického driftu u subpopulací při snížení genového toku. Může nabývat rozmezí od 0, kdy se žádná diferenciace nevyskytuje, až do 1, kdy jsou v subpopulacích fixovány odlišné alely. Jednotlivé subpopulace se pak porovnávají mezi sebou. Hodnoty v rozmezí 0 - 0,05 se považují za malou genetickou diferenciaci, rozmezí 0,05 - 0,15 za střední a 0,15 - 0,25 za velkou genetickou diferenciaci. Program FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002) byl použit ke stanovení hodnoty allelic richness (A_r). Výhodou této statistické metody je, že srovnává genetickou variabilitu nezávisle na počtu vzorků v jednotlivých populacích. V programu GENEALOX byl také vytvořen vstupní soubor pro program POPULATIONS 1.2.31 (Langella, 1999, <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>), který umožnil vytvořit fylogenetické stromy vztahů mezi populacemi a jedinci. Tyto stromy byly vytvořeny na základě metody, kterou publikoval Nei (1972) a jejich grafická realizace byla provedena programy TREEVIEW, verze 1.6.6. (Page, 1996) a FIGTREE, verze 1.4.2. (Rambaut et al., 2014). Výskyt nulových alel byl testován v programu MICRO-CHECKER verze 2.2.3. (van Oosterhout et al., 2005). Kříženci ČF byli z těchto statistických analýz vypuštěni z důvodu malého počtu vzorků.

5 Výsledky

Během let 2012, 2013 a 2014 byly odebrány vzorky celkem 414 jedincům: 213 českých fousků, 118 německých drátosrstých ohařů, 42 německých krátkosrstých ohařů, 39 Korthalsových grifonů, 1 kříženec ČF x NKO a 1 kříženec ČF x DD. Všechny 19 lokusů bylo polymorfních, což znamená, že v každém lokusu byla více než jedna alela. Lokus Amelogenin nebyl použit v dalších analýzách, avšak pomohl nám při kontrole správnosti vzorků. Tento lokus je lokalizován na chromozomech X a Y a dá se podle něj určit pohlaví jedinců. Feny mají dvě kopie stejně dlouhého genu, jsou tedy homozygotní (216/216). Psi mají dvě různě dlouhé kopie toho samého genu, jsou tedy heterozygotní (180/216). Analýzy zbylých 18 polymorfních mikrosatelitů odhalily, že celkový počet alel byl 481. Nejvyšší průměrný počet alel na lokus byl stanoven pro plemeno ČF (7,3), nižší pak pro DD (7,1), pro KG (6,3) a nejnižší hodnota byla stanovena pro plemeno NKO (6,0). Frekvence alel se významně lišily v jejich hodnotách v různých lokusech u jednotlivých plemen. Nejnižší hodnota byla 0,002 (např. REN169D01, AHTk211), nejvyšší pak 0,875 (REN162C04). Průměrná hodnota A_r (tab. 2) byla stanovena pro 34 jedinců z každého plemene, aby se zajistila objektivnost hodnot. Nejvyšší A_r byla naměřena pro plemeno KG (6,2), nejnižší pak pro ČF (5,7). Průměrná hodnota očekávané heterozygotity (H_E) byla nejvyšší pro plemeno ČF (0,686), nejnižší pro KG (0,613). Průměrná hodnota pozorované heterozygotity (H_O) byla vyšší než H_E u plemen DD a KG. U ČF a NKO byla tato hodnota nižší nicméně tento rozdíl nebyl výrazný (viz tab. 2). Hodnota F_{IS} je pro jednotlivá plemena uvedena v tab. 2. U plemen ČF, DD a NKO jsou tyto hodnoty velmi blízké 0. To znamená, že v populaci zřejmě nedochází k inbreedingu. Naopak u plemene KG je tato hodnota ve srovnání s ostatními plemeny vyšší. To znamená, že toto plemeno má vyšší procento homozygotů oproti očekávání.

Plemeno	Počet vzorků	$\bar{\sigma}$ počet alel/lokus	A_r	H_E	H_O	Počet privátních alel	F_{IS}
ČF	213	7,333	5,721	0,680	0,686	17	-0,0062
DD	118	7,111	5,92	0,686	0,665	10	0,0350
KG	39	6,278	6,156	0,676	0,613	16	0,1073
NKO	42	6	5,821	0,657	0,660	6	0,0102

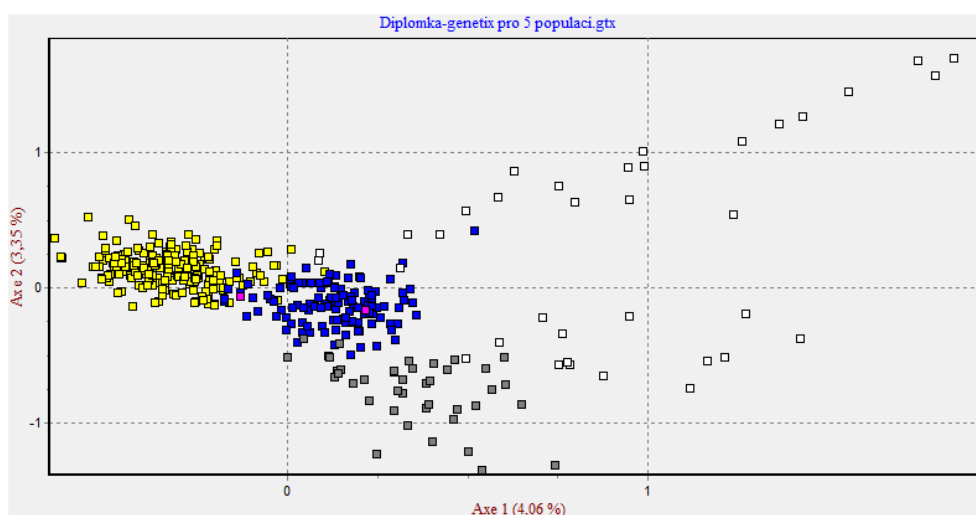
Tab. 2: Počet vzorků, průměrný počet alel/lokus, hodnoty očekávané a pozorované heterozygotity, počet privátních alel a průměrná hodnota F_{IS} pro jednotlivá plemena.

V tabulce 3 jsou uvedeny hodnoty F_{ST} . Všechny hodnoty jsou v rozmezí odpovídajícímu střední diferenciaci. ČF vykazuje vyšší diferenciaci od plemen KG a NKO než od plemene DD. Plemeno KG vykazuje nejvyšší diferenciaci od plemene NKO.

Populace	CF	DD	KG
DD	0,0720		
KG	0,1014	0,0909	
NKO	0,1090	0,0894	0,1145

Tab. 3: Hodnoty pairwise F_{ST} liší se v závislosti na dvojici srovnávaných plemen.

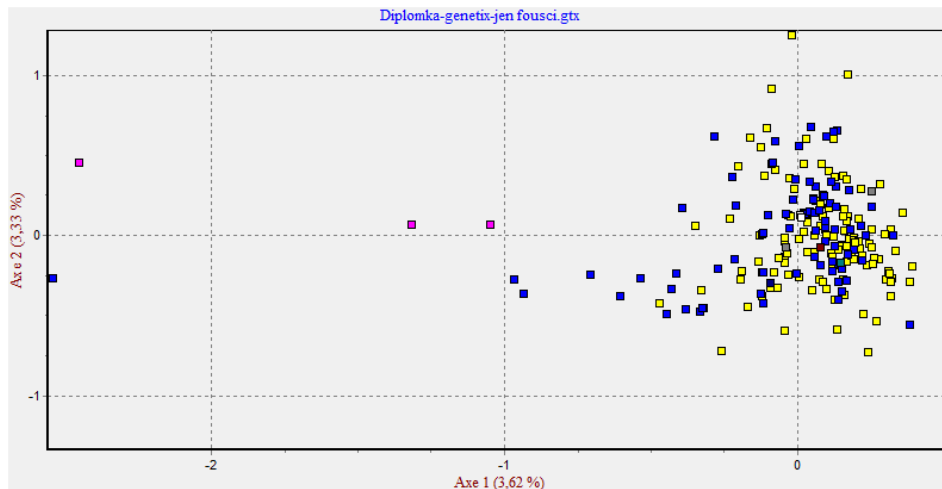
Faktoriálová korespondenční analýza byla provedena v programu GENETIX. Tento program nám poskytl vizualizaci vztahů mezi jedinci a populacemi. Na obrázku 16 je dobře viditelné oddělení jednotlivých populací. Plemena ČF, NDO a NKO vykazují mnohem menší vnitřní variabilitu než plemeno KG. Populace ČF je si geneticky bližší s populací DD než s populacemi NKO a KG. Tato situace byla očekávána vzhledem ke společné historii a pravděpodobně také původu těchto dvou plemen a současné vizuální podobnosti. Zároveň je z grafického rozdělení patrné, že plemeno KG se rozděluje do určitých dvou skupin. Umístění kříženců ČF v grafu odpovídá jejich původu (ČF x NKO, ČF x DD).



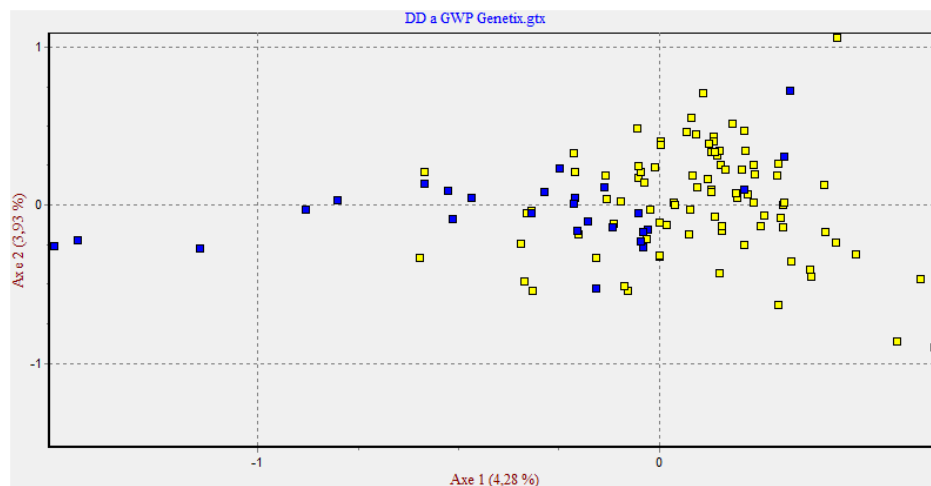
Obr. 16: 2D faktoriálová korespondenční analýza. Jedinci jsou označeni různými barvami podle jednotlivých populací: žlutá - ČF, modrá - DD, bílá - KG, šedá - NKO a růžová - kříženci ČF.

Tato 2D vizualizace byla také provedena jednotlivě pro plemena ČF a DD. Na obrázku 17 je znázorněno pouze plemeno ČF a jednotlivé barvy odpovídají jednotlivým zemím, kde byly

vzorky těchto psů odebrány. Na obrázku 18 je znázorněno plemeno DD. Je viditelná slabá odlišnost mezi jedinci plemen DD a GWP.

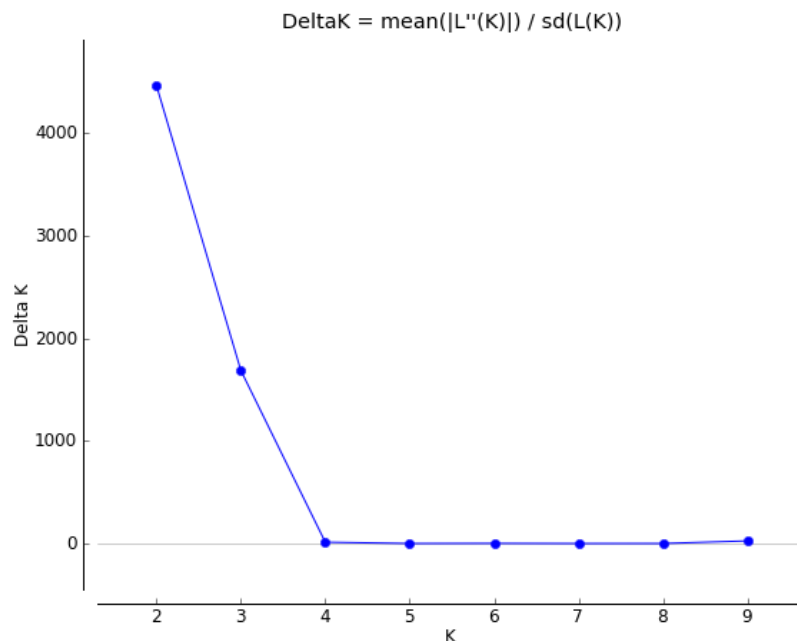


Obr. 17: 2D výstup z programu Genetix zachycuje plemeno ČF. Jednotlivé barvy odpovídají jednotlivým zemím, kde byly vzorky těchto psů odebrány: žlutá - ČR, modrá - Holandsko, bílá - Kanada, tm. šedá - USA, růžová - Nový Zéland, tm. zelená - Slovensko, tm. modrá - Polsko, tm. červená - Belgie.



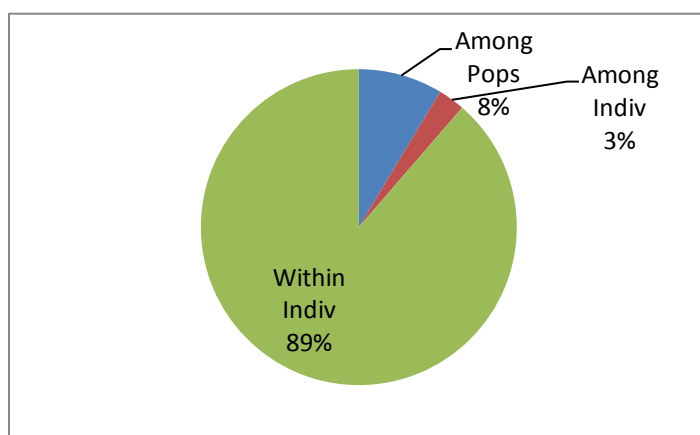
Obr. 18: 2D výstup z programu Genetix zachycující plemena DD a GWP. Vizualizace ukazuje, že obě plemena si nejsou nijak výrazně geneticky vzdálená, nicméně je viditelná určitá diferenciace. Žlutá - DD, modrá - GWP.

Program STRUCTURE může být využit k rozdělení jedinců do určitých tříd (klastřů - K). Pro tuto analýzu bylo použito všech 414 jedinců. Největší podpora byla zjištěna pomocí online aplikace STRUCTURE HARVESTER, a to pro dva klastry ($K = 2$), oddělení na tři klastry mělo nižší podporu a při rozdělení na více než tři klastry byla podpora nulová (obr. 19). Na grafickém výstupu z programu STRUCTURE (obr. 21) je vidět určitá, v některých případech velmi výrazná, míra sdílených alel mezi plemeny. Může se jednat o genový tok mezi plemeny nebo sdílený ancestrální polymorfismus. Tento fenomén je patrný i na dalších výstupech z programu STRUCTURE (viz dále).



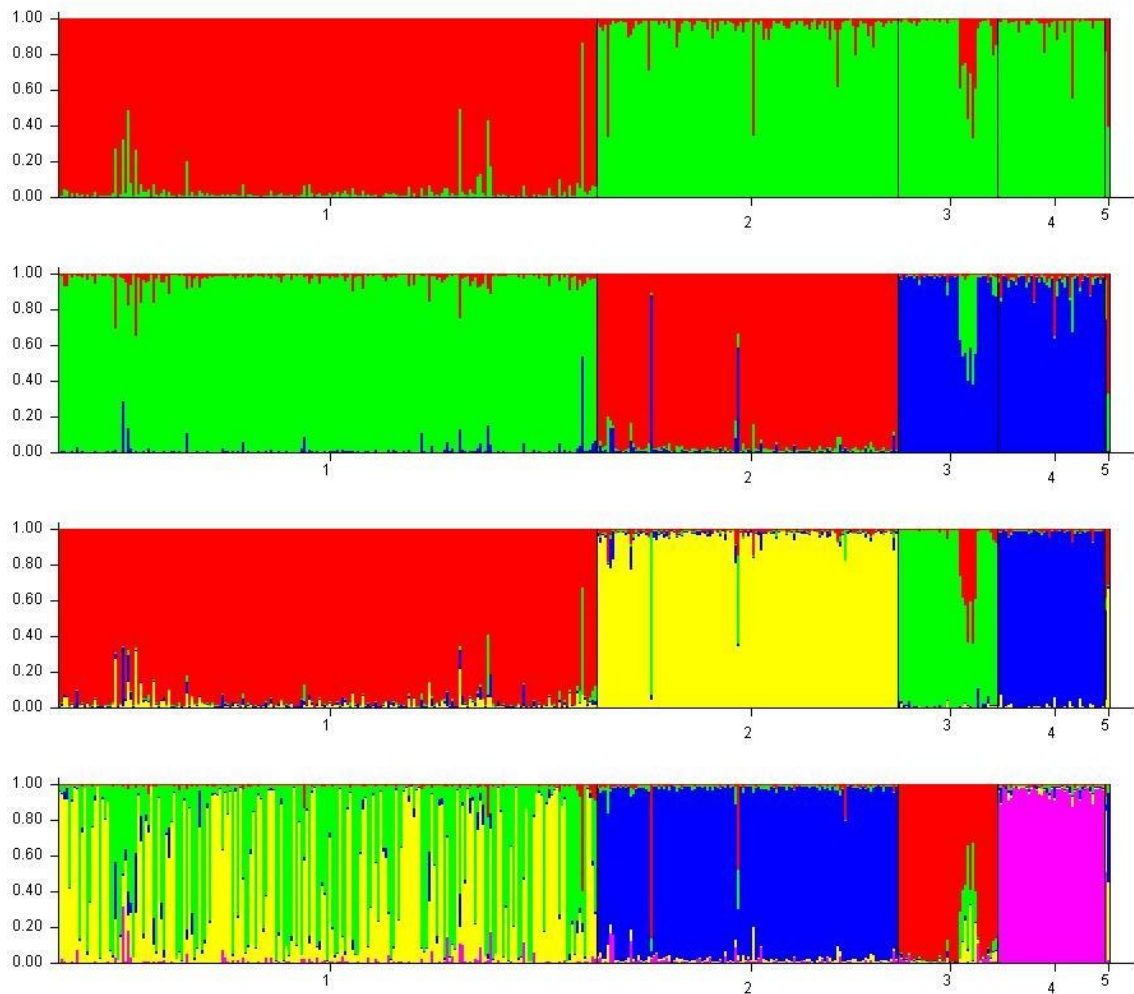
Obr. 19: Online aplikace STRUCTURE HARVESTER (Earl a vonHoldt, 2012) stanovila největší podporu pro K=2, trochu menší podpora byla stanovena pro K = 3.

Na obr. 21 jsou uvedeny výstupy z programu STRUCTURE pro K = 2 až K = 5. Při K = 2 bylo nejdříve odděleno plemeno ČF, ostatní plemena byla zařazena do společného klastru. Při dalším stupni (K = 3) se oddělilo plemeno DD a plemena KG a NKO utvořily společný klastr. Při dalším rozdělení (K = 4) je viditelné výrazné oddělení všech čtyř plemen. U některých jedinců je odhalen výrazný genový tok mezi plemeny ČF a KG. Při rozdělení na 5 klastrů (K = 5) ČF vykazuje určitou vnitřní strukturovanost, která by mohla odpovídat jednotlivým liniím, které se v tomto plemeni stále udržují díky liniové plemenitbě. Analýza molekulární



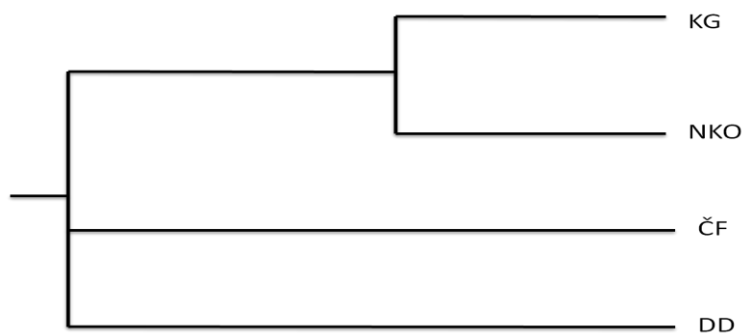
variance (AMOVA) odhalila, že podíl variance alelických sekvencí tvoří mezi populacemi pouze 8 % z celkové variance, zatímco 92 % bylo způsobeno rozdíly v rámci jedinců a mezi jedinci (obr. 20).

Obr. 20: Výsledek analýzy AMOVA (analýza molekulární variance). Největším zdrojem variance jsou jedinci.

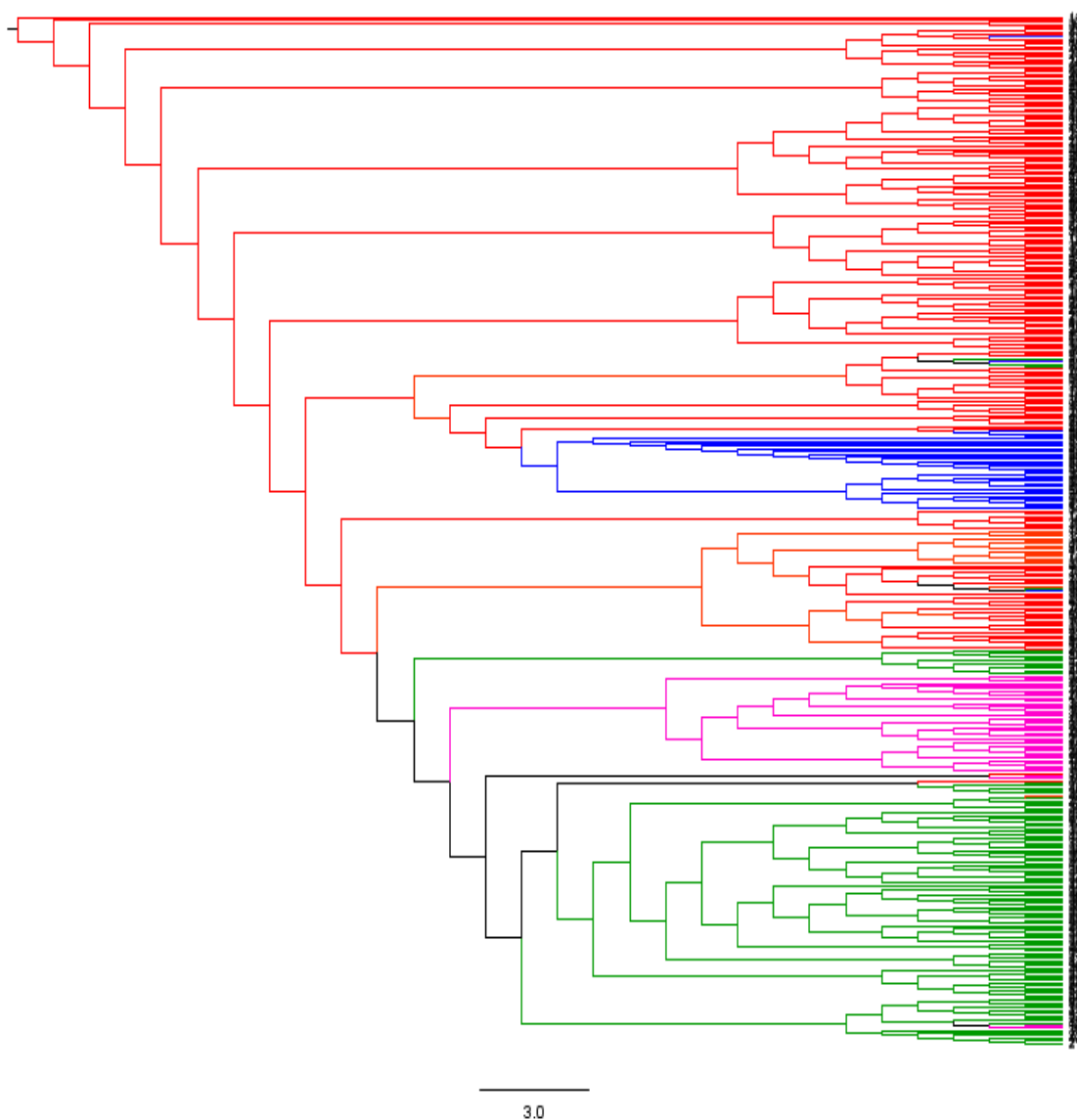


Obr. 21: Výstup z programu STRUCTURE pro K2 - K5. Při K = 2 bylo plemeno ČF (1) odděleno nejdříve, ostatní plemena (2 - NDO, 3 - KG, 4 - NKO, 5 - kříženci ČF) byla zařazena do společného klastru; Při dalším stupni se oddělilo plemeno DD a plemena KG a NKO utvořila společný klast. Je tedy zřejmé, že tato dvě plemena jsou si geneticky bližší ve srovnání s ostatními. Při K = 4 se vzájemně odlišila všechna čtyři plemena. Při dalším stupni pak dochází ke zachycení vnitřní struktury plemene ČF. Tato je pravděpodobně způsobena oddělenými liniemi v rámci plemene. Na všech výstupech je viditelný také určitý genový tok mezi jednotlivými plemeny.

Výskyt nulových alel nebyl prokázán u plemen ČF a NKO. U plemene DD byl detekován výskyt nových alel ve třech lokusech, jejich frekvence však byla do 10 %. Pro plemeno KG byl detekován výskyt nulových alel v šesti lokusech, dva s frekvencí 13 % a 14 %, zbytek s frekvencí 20 %. Fylogenetické stromy pro znázornění vztahů mezi populacemi a jedinci jsou uvedeny na obrázcích 22 a 23. Fylogenetický strom pro znázornění vztahů mezi populacemi (obr. 22) odhalil, že plemena ČF a NDO jsou si geneticky bližší než například ČF a KG i přesto, že obě tato plemena mají společnou nedávnou historii (viz přílohy).



Obr. 22: Fylogenetický strom znázorňující vztahy mezi populacemi: ČF - český fousek, DD - německý drátosrstý ohař, KG - Korhalsův grifon, NKO - německý krátkosrstý ohař. Stejně jako na výstupu z programu STRUCTURE jsou plemena KG a NKO znázorněny jako navzájem příbuznější ve srovnání s ostatními dvěma plemeny.



Obr. 23: Fylogenetický strom znázorňující vztahy mezi jedinci. Jednotlivé barvy odpovídají jednotlivým plemenům: červená - ČF; zelená - DD; modrá - KG; růžová - NKO; Z tohoto rozdělení vyplývá, že z plemene ČF se odštěpila všechna ostatní plemena. Plemeno KG se jeví jako podskupina českých fousků. Plemena DD a NKO se zdají být souběžně se vyvíjející plemena.

6 Diskuze

Český fousek je plemeno, u něhož se stále udržuje liniová plemenitba. Bylo tedy předpokládáno, že hodnota F_{IS} bude dosahovat spíše vyšších hodnot ve srovnání s ostatními plemeny. Tento předpoklad se nepotvrdil. Hodnota F_{IS} pro toto české národní plemeno dosáhla hodnoty $-0,0062$. To je pravděpodobně známka dobře vedené plemenitby a dostatečné variability plemene. Podobné hodnoty jako u ČF v naší studii, dosáhlo plemeno pudl ve studii, kterou provedla Björnerfeldt et al. (2008). Ta stanovila pro toto plemeno, konkrétně pro jeho trpasličí variantu (hnědá nebo černá barva), hodnotu $-0,013$. Pudli jsou rozděleni do čtyř velikostních rázů, nicméně stále jsou registrováni jako jedno plemeno. Malé rázy pudlů (střední, trpasličí a toy) se mísí mezi sebou, velký pudl stojí odděleně. Nicméně záleží také na barvě, která je rozhodující pro skládání rodičovských párů. Některé barvy nejsou tolik rozšířené, proto je jedinců málo a může docházet k inbreedingu. Podle toho, jakou mají jedinci v dospělosti kohoutkovou výšku, se pak zařadí do příslušného rázu. Vyšší hodnotu F_{IS} vykazují malé rázy pudlů barvy apricot ($0,11$). Nejvyšší F_{IS} v naší studii dosáhla také hodnoty $0,11$, a to pro plemeno KG. V USA bylo přistoupeno k přilítí krve ČF do plemene KG z důvodu snižující se genetické variability, horšícího se temperamentu a zvyšujícího se výskytu dědičných onemocnění (viz přílohy) (Bailey, 1996). Je tedy možné, že tato vyšší hodnota F_{IS} odráží tento malý genový pool. Pro srovnání, koeficient inbreedingu pro plemeno KG, vypočítaný na základě čtyř-generačních rodokmenů 37 jedinců registrovaných AKC, měl hodnotu $0,0402$ (DeNise et al., 2004).

Irion et al. ve své studii z roku 2003 uvádí spojitost mezi datem uznání plemen registrem a hodnotou heterozygoty. Plemena uznaná dříve v jeho studii vykazovala nižší hodnoty heterozygoty, než plemena uznaná později. To má pravděpodobně souvislost s tím, že než se plemena uznají, musí doložit určitý počet generací čistokrevné plemenitby, do té doby je však chov otevřen přilévání krve jiných plemen za účelem docílení určitého standardu a tudíž i heterozygotita je vysoká. Po uznání plemen se k přilévání krve přistupuje jen zřídka, heterozygotita má tedy tendenci se časem snižovat. Pokud budeme brát v úvahu uznání plemene AKC, byl by nejstarším plemenem v naší studii KG (rok uznání 1887), následovaný NKO (1930) a DD respektive GWP (1959). ČF není dosud AKC registrován, bude tedy považován za nejpozději registrované plemeno. Irionova korelace by v našem případě byla potvrzena. Nejnižší hodnoty heterozygoty (H_O) byly stanoveny pro plemeno KG ($0,61$), pak NKO ($0,66$), DD ($0,67$) a nejvyšší pro plemeno ČF ($0,69$). Pokud budeme brát v úvahu uznání

plemen FCI, byla by situace složitější. ČF byl FCI uznán v roce 1963, ostatní plemena ale byla uznána ve stejném roce (1954), je tedy nemožné toto srovnání provést pro všechna plemena. Nicméně hodnota heterozygoty (H_E) je pro plemeno ČF nejvyšší, což by odpovídalo Irionově teorii.

Plemeno	H_E	Počet jedinců	Autor
Pointer	0,68	50	Parra et al., 2008
	0,62	20	Leroy et al., 2009a
	0,64	78	DeNise et al., 2004
Anglický setr	0,62	66	Parra et al., 2008
	0,66	20	Leroy et al., 2009a
	0,48	125	DeNise et al., 2004
Irský červenobílý setr	0,7	30	Leroy et al., 2009a
Irský setr	0,65	132	DeNise et al., 2004
Gordonsetr	0,57	149	DeNise et al., 2004
Maďarský ohař krátkosrstý	0,68	116	DeNise et al., 2004
Výmarský ohař krátkosrstý	0,64	24	Leroy et al., 2009a
	0,61	36	Irion et al., 2003
	0,72	50	Streitberger et al., 2011
	0,54	88	DeNise et al., 2004
Labradorský retriever	0,56	16	Björnerfeldt et al., 2008
	0,6	22	Leroy et al., 2009a
	0,48	50	Zajc et al., 1997
	0,66	52	DeNise et al., 2004
	0,64	44	Irion et al., 2003
Italský ohař	0,64	72	Ciampolini et al., 2011
Bretaňský ohař	0,66	16	Parra et al., 2008
	0,66	44	Irion et al., 2003
Jezevčici	0,74	632	Přibáňová et al., 2009
Hanoverský barvář	0,66	92	Lüpke et Distl, 2005
Poongsan	0,84	94	Kang et al., 2009
Jindo	0,85	54	Kang et al., 2009

Tab. 4: Hodnoty heterozygoty pro různá lovecká plemena uváděná v různých studiích. Vyšší hodnoty vykazují korejská plemena.

Hodnota očekávané heterozygoty pozorovaná u plemene NKO v naší studii (0,66; $n = 42$) byla trochu vyšší než hodnota, kterou ve své studii stanovil Parra et al. (2008). Pro počet jedinců $n = 31$ stanovil Parra pro plemeno NKO hodnotu $H_E = 0,65$, v jiných studiích pak H_E

dosahovala hodnot 0,69 ($n = 148$) (DeNise et al., 2004) a 0,70 ($n = 30$) (Leroy et al., 2009a). Hodnota H_E pro plemeno DD v naší studii (0,69; $n = 118$) je vyšší než hodnota naměřená Parrou et al. (2008) (0,62). Nicméně také počet zkoumaných jedinců byl velmi nízký ($n = 10$) oproti naší studii. DeNise et al. (2004) stanovil pro plemeno DD hodnotu $H_E = 0,71$ ($n = 50$). Pro plemeno KG byla v naší studii stanovena hodnota $H_E = 0,68$ ($n = 39$) což je vyšší hodnota než kterou stanovil ve své studii DeNise et al. (2004). Ten naměřil pro počet 33 jedinců plemene KG hodnotu $H_E = 0,57$. Pro další (lovecká i jiná) plemena byly stanoveny hodnoty H_E blízké těm, které byly stanoveny v naší studii (tab. 4). Vyšší hodnoty vykazují pouze korejská plemena Poongsan a Jindo. To autoři vysvětlují větší genetickou variabilitou předků těchto psů a mírnější selekcí oproti evropským plemenům psů. Různé hodnoty heterozygoty u stejných plemen mohou být způsobeny rozdílným počtem vzorků, ale také strategií vzorkování a výběrem odlišných genetických markerů.

Průměrný počet alel na lokus (N_a) byl pro plemena v naší studii v rozsahu 6 - 7,3. Pro plemeno KG byla v naší studii stanovena hodnota 6,3, což je vyšší hodnota než ta, kterou ve své studii uvedl DeNise et al. v roce 2004 (4,6). Tento rozdíl nebyl pravděpodobně způsoben odlišným počtem vzorků. V naší studii byl počet studovaných jedinců 39, v DeNisově pak 33. Tento rozdíl není významný, je tedy možné, že byl způsoben výběrem odlišných genetických markerů nebo výběrem jedinců. DeNise studoval psy registrované AKC. Je tedy jisté, že do svého datasetu nezahrnul psy registrované klubem WPGCA, kde jsou v chovu používáni i čeští fousci. DNA psů použitých v naší studii tedy může obsahovat více společných alel s ČF než u psů, které před 11 lety použil DeNise. Tyto sdílené alely byly velmi dobře znázorněny ve výstupech z programu STRUCTURE. Také fylogenetické rozdělení jedinců naznačilo skutečnost, že jedinci plemene KG se oddělili od plemene ČF. Někteří jedinci použité v naší studii byli F1 generace po přilítí krve ČF. Pro plemeno NKO byla v naší studii stanovena hodnota $N_a = 6,0$, což je hodnota srovnatelná s tou, kterou publikoval Pedersen et al. v roce 2013 (6,2), ale nižší než ta, kterou uvedl DeNise et al. v roce 2004 (7,4). Je možné, že rozdíl byl způsoben odlišným počtem jedinců, ale tyto počty nebyly nijak výrazně odlišné - naše studie $n = 42$; Pedersen $n = 36$; DeNise $n = 50$. Pravděpodobně jsou hodnoty počtu alel/lokus rozdílné, protože se jedná o jedince registrované v jiných chovatelských klubech a tedy v odlišných podmínkách. Jak Pedersen tak DeNise analyzovali jedince registrované AKC, naše studie pracuje s jedinci registrovanými FCI. Rozdíl může být také způsoben nevhodnou plemenitbou, jako například snižujícím se počtem chovných psů, případně preferenčním používáním jen některých chovných jedinců v chovu, a tím zvyšováním stupně příbuzenské

plemenitby. Také pro plemeno DD, resp. GWP Pedersen a DeNise stanovili hodnotu Na. Hodnota v naší studii byla 7,1 pro n = 118 jedinců, v ostatních dvou studiích byly stanoveny hodnoty nižší: 5,1 (Pedersen et al., 2013), 6,9 (DeNise et al., 2004). Nicméně také počet studovaných jedinců byl v těchto studiích nižší. Pedersen analyzoval pouze 11 jedinců, DeNise pak 50 jedinců. Vzhledem k tomu, že obě studie proběhly na jedincích registrovaných AKC, nebyli zkoumáni jedinci "originálního" DD, ale plemene GWP, které se začíná od plemene DD odlišovat, jak naznačuje výstup z programu GENETIX. Naše studie zahrnuje pod názvem německý ohař drátosrstý jak DD tak GWP. Proto jsou pravděpodobně hodnoty počtu alel/lokus odlišné od jiných studií. Námi zjištěné hodnoty jsou spíše vyšší ve srovnání s hodnotami pro různá plemena, publikovanými v jiných studiích (tab. 5).

Plemeno	Na	Počet jedinců	Autor
Greyhound	2,5	50	Zajc et al., 1997
	8,56	41	Kang et al., 2009
Labradorský retriever	4,2	13	DeNise et al., 2004
	3,3	50	Zajc et al., 1997
Německý ovčák	5,8	52	DeNise et al., 2004
	3,3	50	Zajc et al., 1997
Výmarský ohař krátkosrstý	7,6	50	Streitberger et al., 2011
	7,7	52	Kang et al., 2009
Boxer	6,1	218	DeNise et al., 2004
	6,9	50	Streitberger et al., 2011
Italský ohař	5,2	88	DeNise et al., 2004
	7,9	50	Streitberger et al., 2011
Pointer	6,4	72	Ciampolini et al., 2011
	5,8	78	DeNise et al., 2004
Anglický setr	5,3	125	DeNise et al., 2004
	4,7	13	Pedersen et al., 2013
Irský setr	3,7	35	Pedersen et al., 2013
	6,1	132	DeNise et al., 2004
Gordonsetr	5,2	149	DeNise et al., 2004
	4,8	15	Pedersen et al., 2013
Maďarský ohař krátkosrstý	6,0	116	DeNise et al., 2004
	6,5	72	Pedersen et al., 2013
Velký pudl	6,8	149	Pedersen et al., 2013
	7,2	186	DeNise et al., 2004

Tab. 5: Průměrné hodnoty počtu alel na lokus. Hodnoty zjištěné v naší studii jsou spíše vyšší ve srovnání s jinými plemeny.

Hodnoty A_r (allelic richness) v naší studii dosahovaly rozmezí 5,7 - 6,1. Tyto hodnoty jsou výrazně vyšší, než hodnoty publikované ve studii, kterou provedla Björnerfeldt et al. (2008) na pudlech a dalších plemenech: velký pudl 3,6; střední pudl (hnědý nebo černý) 3,6; trpasličí a toy pudl 3,8; malý knírač 3,0; velký knírač 3,5; hrubosrstý foxteriér 2,6; německý ovčák 2,6; labradorský retriever 3,3. Tyto rozdílné hodnoty jsou pravděpodobně způsobeny odlišným počtem jedinců ve zkoumaných populacích. V naší studii byla hodnota A_r vypočítána pro populace o velikosti 34 jedinců, zatímco Björnerfeldt stanovila tyto hodnoty pouze pro 14 jedinců v každé populaci. Tyto vyšší hodnoty v naší studii také mohou být způsobeny přiléváním krve jiných plemen v nedávné době. To by vysvětlovalo nízké hodnoty pozorované heterozygosity a zároveň vysoké hodnoty A_r pro plemeno KG. Pro regeneraci tady byli použiti jak čistokrevní fousci, tak také jedinci s přilítím krve NKO a DD, což mohlo zvýšit hodnotu A_r , ale nenavýšit hodnotu heterozygosity. Také mohl být rozdíl způsoben výběrem odlišných mikrosatelitových lokusů.

Hodnoty párové F_{ST} zjištěné v naší studii jsou menší než ty, které byly stanoveny v rámci plemene pudl pro srovnání mezi velkým pudlem a ostatními menšími rázy a zároveň nižší než hodnoty F_{ST} mezi malými rázy navzájem. Velký pudl ve srovnání se středním pudlem $F_{ST} = 0,23$, ve srovnání s trpasličím pudlem $F_{ST} = 0,20$ a s toy pudlem $F_{ST} = 0,18$ (Björnerfeldt et al., 2008). Hodnoty mezi malými rázy pak dosahovaly rozmezí - 0,001 - 0,027. To znamená, že český fousek se od ostatních hrubosrstých plemen odlišuje více než jednotlivé rázy u pudlů mezi sebou a zároveň méně, než je rozdíl mezi jinými plemeny. Hodnoty F_{ST} se zdají být příliš vysoké pro srovnání mezi plemeny NKO a KG a neodpovídají rozdělení v programu STRUCTURE pro $K = 3$. To je pravděpodobně způsobeno přílišnou odlišností mezi jedinci plemene WPG registrovanými AKC a klubem WPGCA a také malým počtem vzorků v jednotlivých populacích. Pro tuto analýzu by bylo vhodné použít minimálně 50 jedinců v každé populaci, aby se zajistila objektivnost měření (Koskinen, 2003).

Program STRUCTURE také odhalil výrazné sdílení genotypů mezi plemeny ČF a KG. To je pravděpodobně způsobeno mnohaletým přiléváním krve českých fousků do plemene KG za účelem regenerace tohoto plemene a zvýšení genetické diverzity (viz přílohy). Také se může jednat o ancestrální polymorfismus, který by mohl být způsobený společnou minulostí plemen a navíc posílený výše zmíněnou opakovanou hybridizací mezi plemeny. Při rozdělení na 2 klastry ($K = 2$) bylo nejdříve odděleno plemeno ČF. To nasvědčuje více méně izolovanému vývoji plemene a větší genetické vzdálenosti od ostatních plemen. Při rozdělení na 3 klastry ($K = 3$) utvořila plemena KG a NKO jeden klastr. Je to překvapivé vzhledem k velmi

odlišnému fenotypu obou plemen. Nicméně jejich historie (viz přílohy) naznačuje, že při zakládání plemene KG a pak i v době jeho zušlechtování bylo použito plemeno NKO (Bailey, 1996; Nelson, 2011). Je tedy možné, že stále sdílí určitou část genotypu. Při $K = 5$ byla odhalena určitá vnitřní struktura plemene ČF, která by mohla odrážet jednotlivé linie, které se v tomto plemeni stále udržují díky liniové plemenitbě. I přes to, že Grady (2013) uvádí, že v rámci plemene DD by mělo existovat pět různých typů, ani při rozdělení $K=5$ není viditelná žádná vnitřní struktura, která by těmto typům odpovídala. Nicméně pro exaktní testování bude potřeba analyzovat každé plemeno zvlášť.

Vizualizace vztahů mezi jedinci v programu GENETIX odhalila, mimo jiné, rozdělení plemene KG do dvou skupin. To je zřejmě způsobeno tím, že část vzorků, tvořící v grafu horní skupinu, byla odebrána jedincům z klubu WPGCA, kde je přilévána krev českých fousků. Spodní skupina jsou čistokrevní Korthalsovi grifoni, registrováni AKC. Vizualizace plemene ČF byla provedena, aby odhalila případnou diferenciaci v jednotlivých zemích z důvodu různých chovatelských záměrů. Tato diferenciaci nebyla prokázána i přes to, že migrace psů ze země původu, tedy z ČR, která by mohla tyto výsledky ovlivnit, není velká. Další vizualizace byla provedena samostatně pro plemeno DD. Toto plemeno se po druhé světové válce rozšířilo také do USA. Tam bylo šlechtěno jinak, pro jiný způsob lovu a také pro odlišné preference chovatelů (GWP). Jedna populace v grafu odpovídá jedincům plemene DD, tedy typické jedince splňující standard německého chovatelského klubu VDD. Druhá populace pak odpovídá jedincům plemene GWP, pro které existují jiné, mírnější chovné podmínky (viz přílohy). Vizualizace naznačuje určitou slabou odlišnost, která je pravděpodobně důsledkem výše popsaných skutečností. Je možné, že v budoucnosti se tyto dvě plemena úplně oddělí.

AMOVA, která byla provedena v naší studii byla srovnatelná s tou, kterou publikovala Příbáňová et al. (2009) na jezevčících. Příbáňová jezevčíky rozdělila do různých populací podle velikostních rázů a typů srsti. Hodnota variance mezi všemi populacemi bez ohledu na druh srsti nebo velikost byla 11,81 %, variance mezi jedinci v jednotlivých populacích byla 3,77 % a variance v rámci jedinců tvořila 84,42 % z celkové variance. Naproti tomu variance mezi plemeny, kterou publikoval Parker et al. v roce 2004, tvořila 27 % z celkové genetické variability. Nicméně tato studie byla provedena na mnohem větším souboru populací (28 plemen) a tyto populace od sebe byly mnohdy velmi výrazně diferencované. Nebyly tedy příbuzné v takové míře, jako ty v naší studii.

Z fylogenetického rozdělení jedinců vyplývá, že ČF by mohl být nejstarším plemenem ze všech plemen zkoumaných v této studii. To by odpovídalo také klastrování při $K = 2$ v programu STRUCTURE a potvrzovalo by to domněnku Kuhna (2005), který ve své monografii uvádí, že ČF je nejstarším hrubosrstým plemenem (viz přílohy). Hancock (2011) sice tvrdí, že ještě starším plemenem je italský spinone, nicméně tuto skutečnost nemůžeme potvrdit vzhledem k tomu, že toto plemeno nebylo součástí našeho datasetu. Plemeno KG tvoří jakousi podskupinu českých fousků, také někteří jedinci tohoto plemene jsou zařazeni mezi ČF. Důvodem je pravděpodobně to, že tito jedinci sdílí s ČF velké množství alel (jedinci z klubu WPGCA) a byli tedy zařazeni do plemene ČF. Jedna oddělená "zelená" větev stromu, nacházející se mezi plemeny ČF a NKO, jsou jedinci plemene GWP. Toto plemeno nemá tak přísné chovné podmínky jako DD. Oddělení této větve tedy může znamenat přimísení krve ČF do plemene GWP v minulosti a tím zvýšení genetické similarity těchto dvou plemen nebo jde pouze o zvyšující se diferenciaci od mateřského plemene DD. Tuto diferenciaci naznačil také výstup z programu GENETIX provedený pouze pro plemeno DD. Fylogenetické rozdělení populací, kde jsou si plemena KG a NKO bližší ve srovnání s ostatními dvěma plemeny, odpovídá výstupu z programu STRUCTURE pro $K = 3$, kde tato dvě plemena tvoří jeden klast. To by mohlo být dáno historií plemene KG. Podle některých autorů (Nelson, 2011; Bailey, 1996) byl při založení plemene použit právě NKO a toto plemeno bylo do chovu KG přiléváno také po Korthalsově smrti. Je tedy možné, že stále sdílí určitou část alel. Pro lepší rozlišení spletitých vztahů mezi zkoumanými plemeny je však potřeba využít větší množství markerů, které obsáhnou informace z větší části genomu. Standard v tomto odvětví stále roste, jako vhodné se ukazují např. SNPs (single nucleotide polymorphisms) (Chang et al., 2007). Pro přesné fylogenetické zařazení je žádoucí do analýz zařadit i další plemena ohařů.

7 Závěr

- Byly zjištěny výrazné genetické rozdíly mezi plemeny. Všechna plemena byla dobře odlišitelná.
- Nebylo potvrzeno, že v plemeni ČF je zastoupeno větší procento homozygotů, než v ostatních plemenech. I přes udržující se liniovou plemenitbu byla zjištěná dostatečná genetická variabilita populace.
- Plemeno ČF si je geneticky bližší s plemenem DD, než s ostatními dvěma analyzovanými plemeny.
- Mezi plemeny KG a ČF byl potvrzen genový tok.

8 Seznam použité literatury:

Anon. 1964. Speciální výstava českých fousků. Časopis Svazarmu, kynologie. Praha. 9 (11).

Anon. Historie klubu [online]. Klub chovatelů německých krátkosrstých ohařů Praha. 2009 - 2015. [cit. 2014-03-15]. Dostupné z: <http://kratkosrstyohar.cz/index.aspx?rub=5>.

Ardalan, A., Kluetsch, C. F. C., Zhang, A. B., Erdogan, M., Uhlen, M., Houshmand, M., Tepeli, C., Ashtiani, S. R. M., Savolainen, P. 2011. Comprehensive study of mtDNA among Southwest Asian dogs contradicts independent domestication of wolf, but implies dog-wolf hybridization. *Ecology and Evolution*. 1 (3). 373-385.

Arkwright W. 1902. The Pointer and His Predecessors – An Illustrated History of the Pointing Dog from the Earliest Times. Arthur L. Humphreys. London. p. 336

Bailey, J. 1996. Griffon: gun dog supreme: the history and the story of how to improve a breed. Swan Valley Press. Oregon. p. 460. ISBN 0-9630127-2-X.

Beebee, T., Rowe, G. 2008. An Introduction to Molecular Ecology: Second edition. Oxford University press. New York. p. 416. ISBN 978-0-19-929205-9.

Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. 1996-2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).

Björnerfeldt, S., Hailer, F., Nord, M., Vila, C. 2008. Assortative mating and fragmentation within dog breeds. *BMC Evolutionary Biology*. 8: 28.

Carty, D. The Other Griffon [online]. Gun Dog: the Magazine of Upland and Waterfowl dogs. 23.9.2010. [cit. 2014-02-18]. Dostupné z http://www.gundogmag.com/2010/09/23/gundog_breeds_gd_griffon_0109/.

Ceh, E., Dovc, P. 2014. Population structure and genetic differentiation of livestock guard dog breeds from Western Balkans. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 131 (4). 313-325.

- Ciampolini, R., Cecchi, F., Bramante, A., Casetti, F., Presciuttini, S. 2011. Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism. *Italian Journal of Animal Science*. 10 (4): e59.
- Connell, L. Leden 2015. osobní sdělení.
- DeNise, S., Johnston, E., Halverson, J., Marshall, K., Rosenfeld, D., McKenna, S., Sharp, T., Edwards, J. 2004. Power of exclusion for parentage verification and probability of match for identity in American kennel club breeds using 17 canine microsatellite markers. *Animal Genetics*. 35 (1). 14–17.
- Dostál, J. 2009. *Český fousek*. Fortuna Libri. Praha. 155 s. ISBN: 88073214760.
- Druzhkova, A. S., Thalmann, O., Trifonov, V. A., Leonard, J. A., Vorobieva, N. V., Ovodov, N. D., Graphodatsky, A. S., Wayne, R. K. 2013. Ancient DNA Analysis Affirms the Canid from Altai as a Primitive Dog. *Plos One*. 8(3): e57754.
- Earl, D. A., vonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*. 4 (2). 359-361
- Ellegren H. 2004. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*. 5 (6). 435-445.
- Erdogan, M., Tepeli, C., Brenig, B., Akbulut, M. D., Uguz, C., Savolainen, P., Ozbeyaz, C. 2013. Genetic variability among native dog breeds in Turkey. *Turkish Journal of Biology*. 37 (2). 176-183.
- Freedman, A. H., Gronau, I., Schweizer, R. M., Ortega-Del Vecchyo, D. Han, E. J., Silva, P. M., Galaverni, M., Fan, Z. X., Marx, P., Lorente-Galdos, B., Beale, H., Ramirez, O., Hormozdiari, F., Alkan, C., Vila, C., Squire, K., Geffen, E., Kusak, J., Boyko, A. R., Parker, H. G., Lee, C., Tadiogola, V., Siepel, A., Bustamante, C. D., Harkins, T. T., Nelson, S. F., Ostrander, E. A., Marques-Bonet, T., Wayne, R. K., Novembre, J. 2014. Genome Sequencing Highlights the Dynamic Early History of Dogs. *Plos Genetic*. 10 (1): e1004016.

- Gácsi, M., Maros, K., Sernkvist, S., Faragó, T., Miklósi, A. 2013. Human Analogue Safe Haven Effect of the Owner: Behavioural and Heart Rate Response to Stressful Social Stimuli in Dogs. *Plos One*. 8 (3): e58475.
- Gácsi, M., McGreevy, P., Kara, E., Miklósi, A. 2009. Effects of selection for cooperation and attention in dogs. *Behavioral and Brain Functions*. 5: 31.
- Germonpre, M., Sablin, M. V., Stevens, R. E., Hedges, R. E. M., Hofreiter, M., Stiller, M., Despres, V. R. 2009. Fossil dogs and wolves from Palaeolithic sites in Belgium, the Ukraine and Russia: osteometry, ancient DNA and stable isotopes. *Journal of Archaeological Science*. 36 (2). 473-490.
- Godinho, R., Llaneza, L., Blanco, J. C., Lopes, S., Alvares, F., Garcia, E. J., Palacios, V., Cortes, Y., Talegon, J., Ferrand, N. 2011. Genetic evidence for multiple events of hybridization between wolves and domestic dogs in the Iberian Peninsula. *Molecular Ecology*. 20 (24). 5154-5166.
- Goldstein, D., Linares A. R., Cavalli-Sforza, L. L., Feldman M. W. 1995. An Evaluation of Genetic Distances for Use With Microsatellite Loci. *Genetics*. 139 (1). 463-471.
- Goudet, J. 2002. FSTAT 2.9.3.2.. Department of Ecology & Evolution, Biology Building, UNIL, CH-1015 LAUSANNE, Switzerland.
- Grady, J. D. Exhaustive study of the history of the Deutsch Drahthaar [online]. 2013. [cit. 2014-01-15]. Dostupné z <http://www.vdd-gna.org/exhaustive-study-of-the-history-of-the-deutsch-drahthaar/>.
- Gresky, C., Hamann, H., Distl, O. 2005. Influence of inbreeding on litter size and the proportion of stillborn puppies in dachshounds. *Berliner und Munchener Tierarztliche Wochenschrift*. 118 (3-4). 134-139.
- Hancock, D. The pointing griffons – purpose ahead of prettiness [online]. Series 671-728. 2010-2012. [cit. 2014-05-08]. Dostupné z http://www.davidhancockondogs.com/archives/archive_671_728/710.html].
- Hare, B., Brown, M., Williamson, C., Tomasello, M. 2002. The domestication of social cognition in dogs. *Science*. 298 (5598). 1634-1636.
- Hermann, P. 19. března 2014. osobní sdělení.

- Hindrikson, M., Maennil, P., Ozolins, J., Krzywinski, A., Saarma, U. 2012. Bucking the Trend in Wolf-Dog Hybridization: First Evidence from Europe of Hybridization between Female Dogs and Male Wolves. *Plos One*. 7 (10): e46465.
- Chang, M. L., Terrill, R. L., Bautista, M. M., Carlson, E. J., Dyer, D. J., Overall, K. L., Hamilton, S. P. 2007. Large-scale SNP genotyping with canine buccal swab DNA. *Journal of Heredity*. 98 (5). 428-437
- Chapuis, M. P., Estoup, A. 2007. Microsatellite Null Alleles and Estimation of Population Differentiation. *Molecular Biology and Evolution*. 24 (3). 621–631.
- Irion, D.N., Schaffer, A.L., Famula, T.R., Eggleston, M.L., Hughes, S.S., Pedersen, N. C. 2003. Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. *Journal of Heredity*. 94 (1). 81–87.
- Kang, B. T., Kim, K. S., Min, M. S., Chae, Y. J., Kang, J. W., Yoon, J., Choi, J., Seong, J. K., Park, H. C., An, J., Lee, M. H., Park, H. M., Lee, H. 2009. Microsatellite loci analysis for the genetic variability and the parentage test of five dog breeds in South Korea. *Genes & Genetic Systems*. 84 (3). 245-251.
- Kim, K. S., Tanabe, Y., Park, C. K., Ha, J. H. 2001. Genetic Variability in East Asian Dogs Using Microsatellite Loci Analysis. *Journal of Heredity*. 92 (5). 398-403.
- Klement. L. 2005. *Pes průvodcem člověka*. MTZ. Lipník n. Bečvou. 262 stran.
- Kopaliani, N., Shakarashvili, M., Gurielidze, Z., Qurkhuli, T., Tarkhnisvili, D. 2014. Gene Flow between Wolf and Sheperd Dog Populations in Georgia (Causasus). *Journal of Heredity*. 105 (3). 345-353.
- Koshyk, C. 2011. *Pointing dogs, volume one: the continentals*. Dog willing publications. Winnipeg. p. 364. ISBN 978-0-9813523-1-2.
- Koskinen M. T., Bredbacka, P. 2000. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites. *Animal Genetics*. 31 (5). 310–317.
- Koskinen, M. T. 2003. Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog. *Animal Genetics*. 34 (4). 297-301.

- Kubinyi, E., Virányi, Z., Miklósi, A. 2007. Comparative Social Cognition: From wolf and dog to humans. *Comparative Cognition & Behavior Reviews*. 2. 26-46.
- Kuhn, J. 2005. Monografie českého fouska. KCHČF. Tiskárna V.& A. Janata, s.r.o., Nový Bydžov. 193 s.
- Langella, O. 1999. POPULATIONS 1.2.31. Population genetic software: individuals or population distances, phylogenetic trees. CNRS. Francie.
- Leonard, J. A., Wayne, R. K., Wheeler, J., Valadez, R., Guillen, S., Vila, C. 2002. Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs. *Science*. 298 (5598). 1613-1616.
- Leroy, G., Verrier, E., Meriaux, J. C., Rognon, X. 2009a. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *AnimalGenetics*. 40 (3). 323-332.
- Leroy, G., Verrier, E., Meriaux, J. C., Rognon, X. 2009b. Genetic diversity of dog breeds: between-breed diversity, breed assignation and conservation approaches. *AnimalGenetics*. 40 (3). 333-343.
- Lindblad-Toh, K., Wade, C. M., Mikkelsen, T. S., Karlsson, E. K., Jaffe, D. B., Kamal, M., Clamp, M., Chang, J. L., Kulbokas, E. J., Zody, M. C., Mauceli, E., Xie, X. H., Breen, M., Wayne, R. K., Ostrander, E. A., Ponting, C. P., Galibert, F., Smith, D. R., deJong, P. J., Kirkness, E., Alvarez, P., Biagi, T., Brockman, W., Butler, J., Chin, C. W., Cook, A., Cuff, J., Daly, M. J., DeCaprio, D., Gnerre, S., Grabherr, M., Kellis, M., Kleber, M., Bardeleben, C., Goodstadt, L., Heger, A., Hitte, C., Kim, L., Koepfli, K. P., Parker, H. G., Pollinger, J. P., Searle, S. M. J., Sutter, N. B., Thomas, R., Webber, C., Lander, E. S. 2005. Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog. *Nature*. 438 (7069). 803-819.
- Lüpke, L., Distl, O. 2004. Analysis of the current population of the Hanoverian Scenthound bred in the kennel club Hirschmann eV. *Deutsche Tierärztliche Wochenschrift*. 111 (2). 70-75.
- Lüpke, L., Distl, O. 2005. Microsatellite marker analysis of the genetic variability in Hanoverian Hounds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122 (2). 131-139.

- Mason CH. Breed profile: German Wirehaired Pointer [online]. Gun Dog: the Magazine of Upland and Waterfowl dogs. 11.10.2013. [cit. 2014-03-01]. Dostupné z <<http://www.gundogmag.com/2013/10/11/breed-profile-german-wirehaired-pointer/>>.
- Merola, I., Prato-Previde, E., Marshall-Pescini, S. 2012. Dogs' Social Referencing towards Owners and Strangers. Plos One. 7(10): e47653.
- Miklósi, A., Kubinyi, E., Topál, J., Gácsi, M., Virányi, Z., Csányi, V. 2003. A simple reason for a big difference: wolves do not look back at humans, but dogs do. Current Biology. 13 (9). 763–766.
- Miklósi, A., Topál, J. 2013. What does it take to become "best friends"? Evolutionary changes in canine social competence. Trends in Cognitive Sciences. 17 (6). 287-294.
- Morbicer, T. 19. března 2014. osobní sdělení.
- Morera, L., Barba, C. J., Garrido, J. J., Barbancho, M., de Andrés, D. F. 1999. Genetic variation detected by microsatellites in five spanish dog breeds. Journal of Heredity. 90 (6). 654-656.
- Nei, M. 1972. Genetic Distance Between Populations. American Naturalist. 106 (949). 284-291.
- Nelson, M. J. Wirehaired Pointing Griffon [online]. Gun Dog: the Magazine of Upland and Waterfowl dogs. 7.2.2011. [cit. 2014-02-19]. Dostupné z <http://www.gundogmag.com/2011/02/07/gundog_breeds_gd_dutch_0707/>.
- Ovodov, N. D., Crockford, S. J., Kuzmin, Y. V., Higham, T. F. G., Hodgins, G.W. L., van der Plicht, J. 2011. A 33,000-year-old incipient dog from the Altai Mountains of Siberia: Evidence of the earliest domestication disrupted by the Last Glacial Maximum. Plos One. 6 (7): e22821.
- Page, R. D. M. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. Computer Applications in the Biosciences. 12. 357-358.
- Pang, J. F., Kluetsch, C., Zou, X. J., Zhang, A. B., Luo, L. Y., Angleby, H., Ardalán, A., Ekstrom, C., Skollermo, A., Lundeberg, J., Matsumura, S., Leitner, T., Zhang, Y. P., Savolainen, P. 2009. mtDNA Data Indicate a Single Origin for Dogs South of Yangtze

River, Less Than 16,300 Years Ago, from Numerous Wolves. *Molecular Biology and Evolution*. 26 (12). 2849-2864.

Parker, H. G., Ostrander, E. A. 2005. Canine genomics and genetics: running with the pack. *Plos Genetics*. 1 (5). 507-513.

Parker H.G., Kim L.V., Sutter N.B., Carlson S., Lorentzen T.D., Malek T.B., Johnson G.S., DeFrance H.B., Ostrander E.A., Kruglyak L. 2004. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*. 304 (5674). 1160–1164.

Peakall, R., Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6. 288-295.

Peakall, R., Smouse, P.E. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*. 28. 2537-2539.

Pedersen, N., Liu, H., Theilen, G., Sacks, B. 2013. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 130 (3). 236-248.

Pedersen, N., Liu, H., Theilen, G., Sacks, B. 2013. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 130 (3). 236-248.

Perry, C. When is a Korthals Griffon ‘NOT’ a Korthals Griffon. And what would Eduard K. Korthals say ...? [online]. The Korthals Griffon club of Great Britain. 2010. [cit. 2013-09-15]. Dostupné z: http://korthalsgriffon.org.uk/_pdf/KorthalsGriffon-OrNot-rev01.pdf.

Pires, A. E., Amorim, I. R., Ginja, C., Gomes, M., Godinho, I., Simoes, F., Oom, M., Petrucci-Fonseca, F., Matos, J., Bruford, M. W. 2009. Molecular structure in peripheral dog breeds: Portuguese native breeds as a case study. *Animal Genetics*. 40 (4). 383-392.

Pool, G. 2015. Proposed name change from "Wirehaired Pointing Griffon Club of Ameica" to "Bohemian Wire-haired Pointing Griffon Club of America" [online]. Web WPGCA. [cit. 2015-04-01]. Dostupné z: <http://www.wpgca.org/announcements/>.

Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*. 155 (2). 945-959.

- Přibáňová, M., Horák, P., Schröffelová, D., Urban, T., Bechyňová, R., Musilová, L. 2009. Analysis of genetic variability in the Czech Dachshund population using microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126 (4). 311-318.
- Ptak, C. 2011. Wirehaired Pointing Griffon - Breed improvement or destruction? [online]. Gryphon ranch. 2. března 2012. [cit. 2014-01-25]. Dostupné z: <http://www.gryphonranch.com/Breed%20improvement%20or%20destruction%20v2.1.pdf>.
- Rambaut, A., Welch, J., Dudas, G., Bedford, T., Wikramaratna, P., Raghwani, J., Bollback, J., Hedge, J., Hall, M., Lycett, S., Bogaardt, C., Fagundes de Carvalho, L. 2014. FIGTREE v1.4.2.. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- Raymond, M., Rousset F. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86:248-249.
- Rousset, F. 2008. Genepop'007: a complete reimplement of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology*. 8: 103-106.
- Sablin, M. V., Khlopachev, G. A. 2002. The earliest ice age dogs: Evidence from Eliseevichi I. *Current Anthropology*. 43 (5). 795-799.
- Savolainen, P., Zhang, Y. P., Luo, J., Lundeberg, J., Leitner, T. 2002. Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science*. 298 (5598). 1610-1613.
- Shinkarenko, L. N., Guliakova, O. G., Malienko, V. A., Melnychuk, S. D., Spyrydonov, V. G. 2010. Analysis of Genetic Variability in American Pit Bull Terrier Breed of Dogs with a High Inbreeding Level using Microsatellite Markers. *Cytology and Genetics*. 44 (4). 206-211.
- Schelling, C., Gaillard, C., Dolf, G. 2005. Genetic variability of seven dog breeds based on microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 122 (1). 71-77.
- Sojda, R. Leden 2015. osobní sdělení.
- Soproni, K., Miklósi, A., Topál, J., Csányi, V. 2001. Comprehension of human communicative signs in pet dogs (*Canis familiaris*). *Journal of Comparative Psychology*. 115 (2). 122-126.

Sundqvist, A.K., Björnerfeldt, S., Leonard, J. A., Hailer, F., Hedhammar, A., Ellegren, H., Vilá, C. 2006. Unequal contribution of sexes in the origin of dog breeds. *Genetics*. 172 (2). 1121–1128.

Thalmann, O., Shapiro, B., Cui, P., Schuenemann, V. J., Sawyer, S. K., Greenfield, D. L., Germonpre, M. B., Sablin, M. V., Lopez-Giraldez, F., Domingo-Roura, X., Napierala, H., Uerpmann, H-P., Loponte, D. M., Acosta, A. A., Giemsch, L., Schmitz, R. W., Worthington, B., Buikstra, J. E., Druzhkova, A., Graphodatsky, A. S., Ovodov, N. D., Wahlberg, N., Freedman, A. H., Schweizer, R. M., Koepfli, K. -P., Leonard, J. A., Meyer, M., Krause, J., Paabo, S., Green, R. E., Wayne, R. K. 2013. Complete mitochondrial genomes of ancient canids suggest a European origin of domestic dogs. *Science*. 342 (6160). 871-874.

Thoms, J. The Deutsch Drahthaar [online]. *Gun Dog: the Magazine of Upland and Waterfowl dogs*. 23.9.2010. [cit. 2014-02-18]. Dostupné z http://www.gundogmag.com/2010/09/23/gundog_breeds_deutsch_1031/.

Topál, J., Gergely, G., Erdohegyi, A., Csibra, G., Miklósi, A. 2009. Differential Sensitivity to Human Communication in Dogs, Wolves, and Human Infants. *Science*. 325 (1269). 1269-1272.

van den Berg, A. Září 2014. osobní sdělení.

van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., Shipley, P. 2005: Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4. 535-538.

Vilá, C., Savolainen, P., Maldonado, J. E., Amorim, I. R., Rice, J. E., Honeycutt, R. L., Crandall, K. A., Lundeberg, J., Wayne, R. K. 1997. Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science*. 276 (5319). 1687-1689.

Vilá, C., Maldonado, J. E., Wayne, R. K. 1999. Phylogenetic relationships, evolution and genetic diversity of the domestic dog. *Journal of Heredity*. 90 (1). 71–77.

vonHoldt, B. M., Pollinger, J. P., Lohmueller, K. E., Han, E. J., Parker, H. G., Quignon, P., Degenhardt, J. D., Boyko, A. R., Earl, D. A., Auton, A., Reynolds, A., Bryc, K., Brisbin, A., Knowles, J. C., Mosher, D. S., Spady, T. C., Elkahloun, A., Geffen, E., Pilot, M., Jedrzejewski, W., Greco, C., Randi, E., Bannasch, D., Wilton, A., Shearman,

J., Musiani, M., Cargill, M., Jones, P. G., Qian, Z. W., Huang, W., Ding, Z. L., Zhang, Y. P., Bustamante, C. D., Ostrander, E. A., Novembre, J., Wayne, R. K. 2010. Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication. *Nature*. 464 (7290). 898-U109.

Wang, G. D., Zhai, W. W., Yang, H. C., Fan, R. X., Cao, X., Zhong, L., Wang, L., Liu, F., Wu, H., Cheng, L. G., Poyarkov, A. D., Poyarkov, N. A., Tang, S. S., Zhao, W. M., Gao, Y., Lv, X. M., Irwin, D. M., Savolainen, P., Wu, C. I., Zhang, Y. P. 2013. The genomics of selection in dogs and the parallel evolution between dogs and humans. *Nature Communications*. 4: 1860.

Wayne, R. K., Ostrander, E. A. 1999. Origin, genetic diversity and genome structure of the domestic dog. *BioEssays*. 21 (3). 247–257.

Zajc, I., Mellersh, C. S., Sampson, J. 1997. Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. *Mammalian Genome*. 8 (3). 182-185.

9 Seznam použitých zkratek a symbolů:

FCI ... Fédération Cynologique Internationale (Mezinárodní kynologická federace)

GWP ... German Wirehaired Pointer (německý drátosrstý ohař)

DD ... Deutsch Drahthaar (německý drátosrstý ohař)

WPG ... Wirehaired Pointing Griffon (Korthalsův grifon)

AKC ... American Kennel Club

NAVHDA ... North American Versatile Hunting Dog Association

GWPCA ... German Wirehaired Pointer Club of America

WPGCA ... Wirehaired Pointing Griffon Club of America

VDD ... Verein Deutsch Drahthaar

VDD-GNA ... Verein Deutsch Drahthaar Group of North America

VDD-GC ... Verein Deutsch Drahthaar Group of Canada

FDSB ... Field Dog Stud Book

UKC ... United Kennel Club

CKC ... Canadian Kennel Club

10 Samostatné přílohy:

10.1 Seznam příloh

- 10.2 Historie plemene český fousek
- 10.3 Historie plemene německý drátosrstý ohař (NDO, DD, GWP)
- 10.4 Historie plemene Korthalsův griffon (Wirehaired Pointing Griffon) (WPG)
- 10.5 Historie plemene německý krátkosrstý ohař (NKO)

10.2 Historie plemene český fousek (ČF)



Obr. 24: Detail „českého psa“ z obrazu „Rodinné zátíší“. Neznámý autor okolo roku 1700 (Kuhn, 2005).

Původ českého fouska není dodnes zcela objasněn. Kuhn (2005) tvrdí, že český fousek je nestarším hrubosrstým ohařem. Hancock (2011) ale nesouhlasí a tvrdí, že fouskovi, německému drátosrstému, ostnosrstému ohaři a slovenskému stavači předcházela italský spinone. Dle historika Augustina Sedláčka DrSc. pocházejí první zmínky o českém fouskovi již z roku 1348 z doby Karla IV., kdy je nazýván českým psem – *canis bohemicus* (Kuhn, 2005).

Další časté zmínky o hrubosrstém psovi z českých pocházejí z roku 1724, kdy německý spisovatel Johann Friedrich von Flemming ve svém díle *Der Vollkommene Teutsche Jäger* zmiňuje českého hrubosrstého psa používaného hlavně pro vodní práce. Avšak i v tomto případě, stejně jako v případě *canis bohemicus*, chybí jakýkoliv bližší popis tohoto psa (Koshyk, 2011).

Kuhn (2005) se domnívá, že český fousek se zásadně podílel na vývoji ostatních hrubosrstých plemen ohařů v Evropě. Tomuto názoru také nasvědčuje skutečnost, že o českém fousku jsou dochovány písemné zmínky již ze 14. století zatímco o ostatních hrubosrstých plemenech až o dvě století později. Nejpravděpodobněji se na vývoji hrubosrstých ohařů podílely dva typy loveckých psů, a to lovecký pudl původem ze Španělska a hrubosrstý pes, nazývaný kdysi

„polský pes vodní“.
Určitě ale víme, že český
fousek měl zásadní vliv
na vznik německého
ostnosrstého a
drátosrstého ohaře
(Kuhn, 2005).



Český fousek byl na konci 18. a začátku 19. století spíše typem loveckého psa než čistokrevným plemenem. V té době bylo křížení mezi plemeny docela běžné mezi těmi lidmi, kteří chtěli prostě jen dobrého loveckého psa. (Koshyk, 2011). Tomuto tvrzení dává za pravdu i Dostál (2009), který tvrdí, že často docházelo k vzájemnému mísení odchovů českých, rakouských i německých. Tehdy se ještě hrubosrstá plemena nerozlišovala, označovala se jako český fousek, ostnosrstý ohař, hrubosrstý ohař, drátosrstý ohař nebo jen fousek. Při plemenitbě se pak přihlíželo hlavně k pracovním kvalitám jednotlivých psů.

Obr. 25: Vodní pes, jeden z pravděpodobných předků hrubosrstých ohařů.
Dostupné z <http://pointingdogblog.blogspot.cz/2012/02/breed-of-week-cesky-fousek.html>

Kuhn (2005) uvádí, že Němci si v 19. století zajišťovali celé vrhy od významných fen českých fousků v Čechách a na Moravě. Přesnější doklady se ale nezachovaly. Rodové knihy Vídeňského svazu dnes již neexistují, staré rodové knihy se za první světové války přerušily a starší byly ztraceny. Dle zápisů v plemenné knize Spolku pro Království české v Praze, bylo míšení krve u drátosrstých ohařů v Německu uzavřeno až v roce 1924. Do roku 1895 bylo zapsáno pod názvem ostnosrstých ohařů z Čech celkem 41 psů – českých fousků. Spolek vznikl v roce 1880 a zanikl v roce 1897 splynutím s Vídeňským svazem. Český fousek nebyl zpočátku veřejností uznáván za plnohodnotné plemeno, protože většina jmen psů byla německá a v té době byli fousci terminologicky zařazováni v rakouských plemenných knihách jako němečtí ohaři ostnosrstí. Němečtí chovatelé dále zapisovali vrhy s německými jmény i v plemenné knize Československé republiky. Koshyk (2011) ve svém díle uvádí, že podle toho, kde se psi narodili, byli zapisováni v různých zemích pod různými jmény. V českých zemích byli zapisováni jako čeští fousci, v Německu jako ostnosrstý ohař (Stichelhaar) nebo Hesenský drsnobradec. Navzdory různým jménům se všichni shodovali na tom, že plemena vznikla v oblastech Čech, Moravy, Brandenburgu a Hesenska.

V roce 1896 byl založen Spolek pro ohaře hrubosrsté – český fousek – pro Království české se sídlem v Písku. Poprvé byl oficiálně používán název „český fousek“. Spolek byl ale brzy



Obr. 26: 1897; Prof. Ing. Ferdinand Sekyrka - lesník, pedagog, profesor Vyšší lesnické školy v Písku. Zakladatel prvního chovatelského klubu českých fousků, Spolku pro ohaře hrubosrsté - český fousek se sídlem v Písku. Dostupné z <http://www.canis-media.cz/portrety-lidi/canis-media-mysl-2.html>

úředně rozpuštěn, neboť nepřijal němčinu jako úřední řeč.

V roce 1912 byl pokus opakován, ale první světová válka činnost spolku utlumila (Kuhn, 2005).

Pokračovatelem tohoto klubu byl Spolek pro ohaře hrubosrsté – český fousek se sídlem v Praze, založený v roce 1924 a po druhé světové válce, v roce 1958, přejmenován na Klub chovatelů českých fousků (Kuhn, 2005).

Z důvodu malé populační a genetické základny po druhé světové válce, bylo plemeno dočasně otevřeno

příkřížování jiných plemen jako německý krátkosrstý, drátosrstý nebo ostnosrstý ohař. Toto dočasné otevření chovu trvalo až do roku 1957, kdy Československo usilovalo o připojení k FCI. Tehdy byla plemenná kniha opět uzavřena „cizí krvi“ a dále byla vedena jen čistokrevná plemenitba (Kuhn, 2005; časopis kynologie, 1964). Koshyk (2011) uvádí, že uznání plemene FCI silně bránil VDH

(Verband für das Deutsche Hundewesen, German Kennel Club), který tvrdil, že fousek je geneticky totožný s německým ostnosrstým ohařem a proto nemůže být uznán jako samostatné plemeno.

Čeští fousci byli odedávna používáni v Německu chovateli ostnosrstých ohařů ke zlepšení vlastností jejich psů, v Americe pak klubem chovatelů WPGCA k rekonstrukci linií jejich grifonů (Koshyk, 2011).

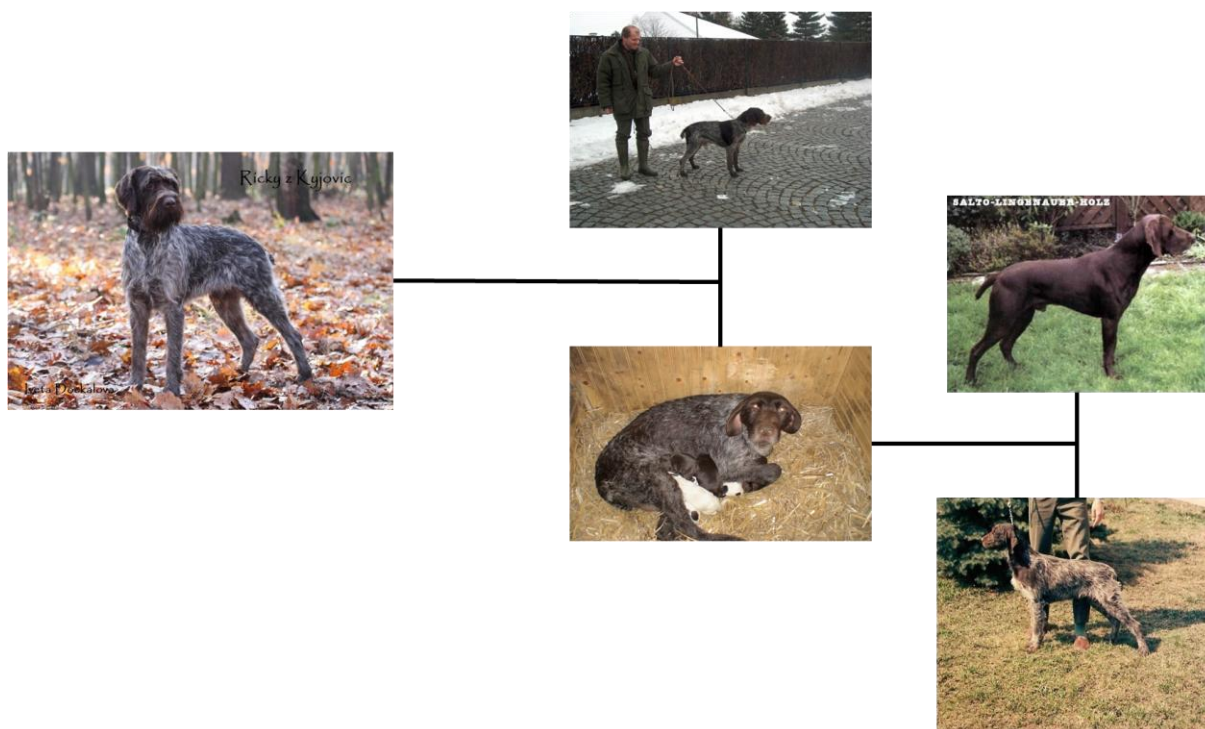
Dle zápisů v rakouských plemenných knihách (österreichische Hunde Stammbuch) se značkou öHStB Rakouského kynologického svazu ve Vídni, lze zjistit, že zápisy německých ostnosrstých ohařů z Čech a Moravy, tedy českých fousků, jsou velice časté a v některých letech dokonce převládaly (Kuhn, 2005).

Odchovy významných chovatelů českých fousků z Čech a Moravy ovlivnily chov hrubosrstých ohařů v celém Rakousko-Uhersku. Celé chovy českých fousků z Čech a Moravy byly také vyváženy do Německa a zapisovány v německých plemenných knihách, často i bez registrovaných rodičů nebo jen většinou se známou matkou. Tak bylo mnoho chovných stanic

plemene znamenalo pro plemeno obrat. Rostl zájem nejen v České republice ale i v zahraničí. V současnosti se čeští fousci uplatňují ve Spojených státech amerických, na Novém Zélandu, ve Francii, v Holandsku, Německu, Dánsku ale také v Bulharsku nebo v Austrálii. Chov byl založen na metodě liniové plemenitby (Kuhn, 2005).

O T E C S I R E	Ricky z Kyjovic ČLP/CF/REG/59116/10 bělouš s maskou	Ogar z Březové stráně ČLP/CF/56906/06 bělouš s maskou, plotný	Alan z Věelinského lesa ČLP/CF/56145/02 bělouš hn.hlava,plotna výborný, U-VZ-I., PZ-I.e.
	Itody fittedal BOB 2x CACIB 2x CAC CWC 2x výborný	okrasný (Testal) Res.CACT U-VZ-I.e. PZ-I.e. LZ-I.e. SVP-I.e. ZV-I.e.	Lenca z Březové stráně ČLP/CF/54879/02 bělouš CACIB, CAC CZ, U-MJS-II, PZ-I.e.
		Era z Rostlénic ČLP/CF/REG/55673/02 bělouš	Salto vom Lingenauer Holz (Z.-K.NR.:1115/98), ČLP/KO/70786/99 němčá výborný, CACT, CACT
		výborná PZ-I.e.	Bosy z Kyjovic ČLP/CF/51355/96 bělouš s maskou, plotný výborná, ZV-I.e., PZ-I.e.

Obr. 29: Detail přilítí krve NKO v rodokmenu feny ČF Artemis Farní dvůr. Dostupné z <http://files.cesky-fousek-ricky.webnode.cz/200000276-54db855d53/Scan2.JPG>.



Obr. 30: Rodokmen feny Artemis Farní dvůr v podobě fotek příslušných psů. Era z Rostlénic vykazuje slabší osrstění hlavy nicméně její potomci (Ricky z Kyjovic, Artemis Farní dvůr - viz výše) mají znaky standardní. Fotky dostupné z <http://www.zkyjovic.estranky.cz/en/>, <http://hafici.net/prezentace/1615/>.

Oblastní poradce chovu pro severní Moravu, Pavel Hermann, uvádí, že krev německého krátkosrstého oháře byla naposledy přilita do chovu českých fousků před 15 lety (rok 2000),

a to v II. linii. Na obrázcích č. 28, 29 a 30 je vidět toto přilítí krve v průkazu původu feny Artemis Farní dvůr a také přímo na fotkách jednotlivých psů. U feny Era z Rostenic je viditelné slabší osrstění hlavy, v dalších generacích však už jsou znaky výraznější. Přilítí krátkosrstého plemene samozřejmě znamenalo vyštěpení nestandardních jedinců, tito se ale selektivně z chovu vyřazují a dále postupují pouze standardní jedinci s přilítými geny NKO (obr. 31). Německý drátosrstý ohař byl naposledy použit také v roce 2000, a to v VII. linii (Hermann, 2014, osobní sdělení). Toto přilítí krve je znázorněno v rodokmenu feny ČF Asta JARPOL (viz. obr. 32). DD který byl pro přilítí vybrán se jmenoval Cir z Revíru Zálesí.



Obr. 31: Vlevo fena ČF Ursa z Kyjovic. Tato fena představuje nestandardního jedince vyštěpeného po přilítí krve NKO. Nicméně jak je vidět na obrázku vpravo, její sestra Uta vykazuje standardní vzhled. Tito standardní jedinci po splnění chovných podmínek postupují dále do chovu a nesou s sebou geny NKO. Tyto fotky byly pořízeny na zkouškách vloh v roce 2012 a obě feny se umístily na předních pozicích. Autor: Pavla Latinová Mičulková. Dostupné z: http://tajemstvi.rajce.idnes.cz/Zkousky_vloh_5.5.2012_Nivnice/#

ČESKOMORAVSKÁ KYNOLÓGICKÁ UNIE člen Fédération Cynologique Internationale – FCI PRŮKAZ PŮVODU PSA PEDIGREE ČESKOMORAVSKÁ KYNOLÓGICKÁ JEDNOTA Jungmannova 25, 115 25 PRAHA 1		Asta JARPOL CLP/CF/REG/61225 Fena/Female 01.05.2011		61225 bélouš,plotny hrubá	
Naro z Dřevnického pramene CLP/CF/56522/06 tmavý bělouš velmi dobrý U-VZ-II.c. PZ-I.c. ZV-I.c.		Kendy z Dřevnického pramene CLP/CF/52508/98 bělouš, husáková hlava velmi dobrý U-VZ-II.c. PZ-I.c. ZV-I.c.		Parádi ze Strážného CLP/CF/48738/95 tmavý bělouš,plotny výborný, U-VZ-I, LZ-I.c.	
Cilka z Podlebecem CLP/CF/REG/59334/11 tmavý bělouš výborná LZ-I.c. PZ-I.c. ZV-I.c.		Alan z Včelinského lesa CLP/CF/56145/02 bělouš s maskou,plotny výborný U-VZ-I.c. PZ-I.c.		Nord ze Zvlčovské baňky CLP/CF/53762/99 bělouš výborný, U-VZ-I, PZ-I.c.	
Linda z Bělečských strání CLP/CF/REG/55728/03 tm bělouš,plotny velmi dobrá PZ-I.c. ZV-I.c.		Cir z Revíru Zálesí CLP/REG/24558/97 husáky bělouš Res.CACT,CACT,Res.CACT CAJC, výborný, MPH I.c., MIVe I.		Bin Anatum CLP/REG/1858/95 Fryya z Černé kule CLP/REG/1558/94 Mok od Kolovky CLP/CF/51220/96 Chana z Bělečských strání CLP/CF/50903/95	

Obr. 32: Průkaz původu feny ČF Asta JARPOL. Je zde zaznamenáno přilítí krve psa DD Cir z Revíru Zálesí. Autor: Silvie Neradilová.

10.3 Historie plemene německý drátosrstý ohař (NDO, DD, GWP)

Základem při vzniku plemene byl ostnosrstý ohař (tedy v podstatě fousek), přikříženo pak bylo hned několik plemen loveckých psů – německý ohař krátkosrstý, pointer, airedaleterier (Kuhn, 2005; Grady, 2013), foxhound, pudl (Mason, 2013), Korthalsův grifon a pudlpointer (Parra et al., 2008).

V Německu začal čilý zájem o hrubosrsté ohaře v první polovině 19. století. Plemeno německého drátosrstého ohaře pak vzniklo v druhé polovině 19. století, což znamená, že toto plemeno je z hrubosrstých plemen psů nejmladší (Kuhn, 2005).

Grady (2013) uvádí, že baron Sigismund Freiherr von Zedlitz (lépe známý jako Hegewald) převzal vysokou pozici v úsilí o regeneraci starého německého loveckého psa. Společně s Korthalsem pracovali na založení všestranných polních testů pro psy a na základě výsledků těchto testů sestavoval vhodné krycí páry. V Německu je považován za pravého zakladatele plemene DD. Podle nálezů ve starých chovatelských záznamech se rozhodl, že bude křížit vodního pudla a anglického pointera a pak tyto potomky zpětně přikříží s německými plemeny. Pudlpointer, jak byl tento "kříženec" nazýván, se velmi brzo dočkal úspěchu a to vedlo k založení Pudelpointer klubu v roce 1897.

DD byl vytvořen hlavně ze čtyř plemen, které byly mimořádně vhodné ke zlepšení výkonu (Grady, 2013; Parra et al., 2008):

Německý ostnosrstý ohař (Deutsch Stichelhaar) - je nejstarší z německých hrubosrstých plemen a pravděpodobně má nejbližší pouto ke středověkému německému ohaři. Stichelhaar je extrémně tvrdý pes, ne velký, ale silný a statný. Jeho srst je velmi hrubá, hlava s výrazným vousem a obočím. Je nejznámější pro skvělé přinášení, držení stopy a vodní práci. Slabší jsou v práci na poli a inteligenci (Grady, 2013). Dostál (2009) ale uvádí, že toto plemeno již v podstatě zaniklo. V roce 2009 bylo v Německu posledních 5 chovných psů. Němečtí chovatelé se snaží plemeno udržet přikřížováním českých fousků. Tím se ale plemeno pozvolna mění na čistokrevné fousky.

Korthalsův grifon - Toto prastaré plemeno má pravděpodobně původ v různých hrubosrstých plemenech psů z Belgie, Francie a Holandska. Grifoni mají hranatou a výraznou hlavu s typickým vousem a obočím. Mají světle hnědou barvu. Díky intenzivní čistokrevné plemenitbě, mají obvykle podobnou stavbu, strukturu a délku srsti a shodnost v barvě. Grifon

je elegantní ohař s výjimečnými vlohami pro polní práce, dobrou inteligenci a cvičitelnost a také vlohy pro přinášení. Slabší jsou v držení stopy a ostrosti (Grady, 2013).

Pudlpointer - Toto plemeno vzniklo při pokusu o regeneraci všestranného loveckého psa. Tito potomci z křížení pudlů a pointerů byli obecně úspěšní kvůli přísným pracovním podmínkám pro uchovnění. Pudlpointer přinesl do plemene DD standardní stavbu, dobrý nos, manýry pro vystavování a přinášení, agresivitu, vášeň pro vodní práci a dobrou srst, která psa ochrání před menšími zraněními. Slabší je ale práce v lese (Grady, 2013).

Německý krátkosrstý ohař - Původní krátkosrstý ohař je v mnoha ohledech často považován za velmi podobného ostnosrstým ohařům. Avšak u krátkosrstého ohaře byl vždy kladen důraz spíše na polní práci než na vodní a lesní. Plemeno je inteligentní a nos je také vynikající. Má se za to, že toto plemeno méně přispělo k vývoji DD, než k vývoji jiných plemen ohařů (Grady, 2013).

Národní klub chovatelů DD byl založen v Německu v roce 1902. Plemeno pak následovalo německé imigranty a americké vojáky do USA, kde byl DD, pod názvem German Wirehaired Pointer (GWP), uznán AKC v roce 1959 (Mason, 2013).

V Německu bylo do roku 1924 možné přikřížit prakticky jakékoli plemeno. Záleželo hlavně na loveckých vlastnostech, ne na plemeni (Bailey, 1996; Kuhn, 2005; Koshyk, 2011). Tvůrci DD totiž nesdíleli názor většiny kynologické veřejnosti, že jednotlivá plemena by měla mít uzavřenou plemennou knihu, měla by být striktně oddělena a neměla by se míchat s jinými plemeny. Naopak, věřili, že všechna hrubosrstá lovecká plemena jsou "jedna rodina" a proto, že by křížení mezi nimi mělo být povoleno. Hodně členů loveckého společenstva považovalo tento přístup za urážku čistokrevné plemenitby a odmítalo jej. Navzdory těmto odpůrcům, příznivci DD svůj názor nezměnili. Tvrdili, že oddělování jednotlivých hrubosrstých plemen je pouze „rozdělování srsti“ (Koshyk, 2011). Také Bailey (1996) potvrzuje, že situace v německé lovecké kynologii byla komplikovaná. Uvádí, že existovalo hodně názorů na to, které plemeno je ten opravdový "grifon". Někteří tvrdili, že jediným pravým grifonem je DD a že Korthalsův grifon je jen jakási "smíšenina" různých plemen. Jiní zastávali výše uvedený názor, že všechna hrubosrstá plemena jsou "jedna rodina" a že by se měla sloučit do jednoho plemene.

Zápisní kniha Deutsch-Drahthaar byla uzavřena teprve roku 1924. Po tomto roce začíná čistokrevná plemenitba s chovným materiálem (Kuhn, 2005). Mezi plemena používaná do chovu DD patřili široce rozšíření angličtí pointíři a setři (Grady, 2013), ostnosrstí ohaři, pudlpointíři a v menší míře také grifoni. Tímto postupem se sice zhoršila kvalita srsti, ale bylo dosaženo pokroku ve hledání, nosu a cvičitelnosti (Grady, 2013; Koshyk, 2011).

V letech po druhé světové válce bylo velice složité udržet plemeno naživu. Bylo použito v podstatě všechno, co bylo po ruce – německý krátkosrstý, dlouhosrstý i výmarský ohař (Koshyk, 2011).

Velká obliba plemene zajistila i velkou chovatelskou základnu, v krátké době se německý ohař drátosrstý stal nejrozšířenějším plemenem v Německu. Některé pracovní rysy českého fouska byly u drátosrstého ohaře zachovány – byla to ranost a práce po ráně, jež byly u fousků na vysoké úrovni. Tento typ drátosrstého ohaře byl později použit při regeneraci českého fouska (Kuhn, 2005).

Dnes se však oba typy v exteriéru i vlastnostech rozcházejí. Ostrost a rychlost byla u ohaře



Obr. 33: Pes plemene Deutsch Drahthaar Jork II vom Liether-Moor. Je zde dobře viditelný současný trend chovatelů NDO - krátká, trdá srst a výrazný vous. Autor: Ines Oebel. Dostupné z

<https://www.facebook.com/ines.oebel/photos>

drátosrstého téměř přehnaná a mnohdy byla spojena s nervovými poruchami jako nervozita a ztráta spolupráce s vůdcem. Při těchto vlastnostech jsou neúměrně zvýšeny požadavky na schopnosti vůdce. To je důvod, proč nebyl drátosrstý ohař chován u nás místo fouska. Byl použit jen k přilítí krve (Kuhn, 2005).

Pracovní podmínky pro uchovnění byly idealistické a neústupné. Po stoletém úsilí se povedlo vyšlechtit psa pro německé lovce. Pravého všestranného psa vynikajících pracovních kvalit, s praktickou srstí, temperamentem, odvahou, odhodláním, inteligencí a vášní pro práci. Silný a vznešený pes, snadno cvičitelný a ovladatelný, agresivní na škodnou, ale také věrný společník (Grady, 2013).

Hlavní chovatelský klub v Německu je VDD (Verein Deutsch Drahthaar). Má dvě odnože, v Severní Americe (VDD-GNA) a v Kanadě (VDD-GC). Dále existuje několik nezávislých klubů v USA, Kanadě a v několika evropských státech (Koshyk, 2011).

10.3.1 Deutsch Drahthaar v USA

Po příchodu psů do Ameriky, po druhé světové válce, se toto statné a respektované plemeno rozdělilo na dvě různá plemena směřující úplně jinými směry (Mason, 2013; Koshyk, 2011). Původní němečtí chovatelé měli mnohem větší povědomí o všestrannosti loveckého psa než američtí chovatelé. Pro američany „všestranný“ obecně označuje psa, který pracuje na suchozemském a vodním ptactvu. Němci si představovali psa, který by sloužil při lovu suchozemského ptactva, vodního ptactva, zajíců, veverek, lišek, divokých koček, vysoké a černé zvěře. Z toho důvodu chtěli psa, který je schopný vypracovat stopu, lokalizovat a, v některých případech, usmrtit zvěř. Anglický výraz GWP je tedy termín, který má pro různé lidi různý význam (Mason, 2013).

Původní DD sdružoval prvky nesmírně rozdílných plemenných typů - cvičitelnost tzv. „ptačího“ psa a vytrvalost loveckého psa. Samozřejmě, krev loveckých psů s sebou přináší kromě vytrvalosti i orientační smysl. Někteří staří němečtí drátosrstí psi byli šlechtěni k tomu, aby pracovali s nosem u země, přesně jak to jejich tvůrci vyžadovali. Americký styl „ptačích,, psů klade více důraz na vysoký nos - hledání s vysoko zviženou hlavou. Navíc, původní účel plemene požadoval dostatečnou houževnatost k tomu, aby se psi vypořádali s obranou kořisti. Lišky, divoké kočky a černá zvěř jsou nebezpeční, jsou-li zahráni do kouta (Mason, 2013).

Vývojáři plemene DD mysleli také na specifické počasí a terén v jejich domovině. To je vedlo k vyšlechtění relativně vysokého psa, dostatečně osvaleného s délkou těla jen lehce přesahující výšku psa, aby byla podpořena hbitost. Charakterističtější znak, kterého chtěli dosáhnout, byl velmi zvláštní typ srsti, která chránila psa před poraněním trny a před chladnou vodou, ale přitom byla jednoduše udržovatelná. Odpověď byla srst ze dvou vrstev-hustého podkladu a drátovité, přiléhavé horní vrstvy. A samozřejmě také typické osrstění hlavy. Všechny tyto vlastnosti přišly z Německa přes Atlantik. A pak se rozdělily (Mason, 2013).

10.3.2 Rozdělení plemene

Pojmy Deutsch Drahthaar a German Wirehaired Pointer už pro američany nejsou synonyma. V USA existují dvě organizace, z nichž každá vede vývoj plemene trochu jinou cestou. Jsou to German Wirehaired Pointer Club Of America (GWPCA) a Verein Deutsch Drahthaar Group North America (VDD-GNA). GWPCA byl založen v roce 1959 a je skupinou patřící do AKC jako oficiální mateřský klub pro plemeno v USA. VDD-GNA je sesterský klub původního německého klubu chovatelů-Verein Deutsch Drahthaar (VDD) a byl založen v roce 1971. Tyto organizace nejsou vyloženými oponenty, ale jejich cíle jsou odlišné (Mason, 2013). Původní VDD dlouho váhala se zveřejněním oficiálního exteriérového standardu plemene. Nakonec byl standard v roce 1969 přijat, dával však největší důraz na výkon. Kvalitu srsti a stavbu těla standard řadil až na druhé místo (Grady, 2013).

Klub GWPCA, přidružený k AKC, zahrnuje spíše nelovecké využití plemene, jako například agility, výstavy, terapie, osobní asistence a obecné vlastnictví domácího zvířete. Klub ale nezanedbává ani loveckou stránku plemene. Zastává více typicky americký přístup, kdy je členství v klubu striktně dobrovolné a každý může ochovávat vrhy štěňat registrovaných



Obr. 35: Pes GWP Mason Creek Avastar s převahou bílé srsti. Tento jev se vyskytuje čím dál tím častěji, jak američané inovují plemeno. Je zde viditelný posun v exteriéru od původního DD. Dostupné z <http://www.gundogmag.com/breeds/breed-profile-german-wirehaired-pointer/>



Obr. 34: Pes DD Watz vom Liether-Moor; Černé zbarvení je u psů plemene DD povoleno, u GWP je nežádoucí; Autor: Ines Oebel. Dostupné z <https://www.facebook.com/ines.oebel/photos>

v AKC bez posudku nebo povolení klubu. To znamená, že plemeno pod GWPCA je rozrůžňováno tím více, čím rozličnější jsou záměry chovatelů. I v rámci GWPCA se lidé rozcházejí v názorech na to, jak by měl vypadat ideální GWP. AKC sice má detailní plemenný standard, ale neexistuje žádný kontrolní systém, který by zaručoval, že pouze psi odpovídající standardu projdou dále do chovu (Mason, 2013).

Naopak VDD-GNA je mnohem více uzavřený systém, řídící si a vynucující si svoji vlastní registraci. VDD-GNA vede rozsáhlý a několikastupňový systém polních testů a fyzické vyšetřování všech psů, mířících do chovu. A chov není povolen když pes neuspěje v určitém ocenění. Jinými slovy, VDD-GNA odráží německou tendenci zachovat historické dědictví plemene spíše, než individuální svobodu chovatelů. VDD-GNA navíc tvrdí, že se GWP vyvinul z úplně jiného plemene než z původního DD (Mason, 2013).

V dnešní době chovatelé DD neregistrují jejich psy jako GWP pod AKC. Standardy plemene se trochu liší mezi těmito dvěma skupinami. Například zbarvení srsti. Černá srst je celkem běžná v VDD-GNA. Černá barva se u GWP objevuje zřídka a je považována za nestandardní zbarvení pod AKC, kde je standardní barvou játrová a naopak bílá je povolená, přímo žádoucí, u GWP, zatímco u DD se nedovolují bílé plochy větší než 7 cm. Příznivci GWP tvrdí, že původní němečtí drátosrstí ohaři byli agresivnější psi, spíše tmavšího zbarvení a lovili s nosem nízko u země. V Americe změnili plemeno tak, aby bylo méně agresivní, světlejšího zbarvení a aby psi lovili s vysokým nosem. Tato změna lépe sedí lovcům v Americe, kteří loví zejména suchozemské ptactvo. Příznivci DD zase tvrdí, že často používají jejich psy pro lov zajíců nebo dosledy na pobarvené stopě vysoké zvěře. V době, kdy je nedostatek lovného ptactva dávají přednost psovi, který má širší spektrum využití (Mason, 2013).

Aby byla věc ještě komplikovanější, Field Dog Stud Book (FDSB) a North American Versatile Hunting Dog Association (NAVHDA) mají také registrace pro německé drátosrsté ohaře. Někteří se podobají starému německému originálu, jiní se spíše podobají americkému typu. Někteří (zejména ti registrovaní v FDSB) se dokonce podobají jejich loveckým stylem i anglickým pointrům, aby lépe uspěli v polních pracech. To znamená, že existují nejméně tři organizace, kde může být GWP nebo DD registrován (Mason, 2013).

10.3.3 Pět typů

V chovu pojem „typ“ označuje ideál nebo cíl, kterého chceme dosáhnout. Protože „typ“, pokud je ho dosaženo, může být ve stejné podobě reprodukován, měl by sloužit jako základ, k němuž se snažíme dojít (Grady, 2013).

Plemeno se během vývoje začalo postupně diferencovat do různých typů. Tyto rodinné typy nebylo původně zamýšleno vytvořit, byly vytvořeny náhodně, při hledání vhodných jedinců a jejich chovu pro lepší výkon, trvající více než sto let. Každý typ reprezentuje dokonalou

vyváženost výkonu, kvality srsti, stavby těla a temperamentu a každý má jedinečný charakter. Rodinné typy jsou pojmenovány vždy po prvním psovi, který vykazoval charakteristický výkon a schopnost konstantně reprodukovat ty samé kvality po několik generací (Grady, 2013). Avšak Koshyk (2011) tvrdí, že koncept těchto pěti typů se nikdy doopravdy neuchytil a dnes se o něm v Německu nikdo ani nezmíní (Koshyk, 2011).

Typ WITBOI: Witboi vom Ruedenhof I, nar. 6. srpna 1896

Charakteristika: Vynikající nos a živé hledání. Velmi dobrý styl vystavování, vášně pro přinášení, „vodaři“, ostří na škodnou. Usilovní na stopě, zvláště na pobarvené (ovšem jen zřídkakdy hlasité stopování). Brzy dospívají a jsou schopni výkonu po velice dlouhý čas. Snadno zvládnutelní, dobrých nervů a konstituce.

Typ LUMP: Lump von Berge, nar. 16. ledna 1899

Charakteristika: Nejlepší kvality typu Lump náleží do oblasti stopování, spolehlivosti v práci na vodě a ostrosti. Dobrý nos, elegantní a pevné vystavování. Tento typ se vyznačuje vášnivým pronásledováním (většina psů je hlasitá na stopě). Jsou pevné konstituce a charakteru. Brzy dospívají a jsou schopni výkonu po velice dlouhý čas.

Typ REGENT: Regent Auenheim, nar. 2. března 1923

Charakteristika: Tato linie se vyznačuje prací na pernaté zvěři, nosem, ostrostí, prací na vodě, ochotou k práci na stopě a pevným charakterem. Tento typ stále existuje a s přiměřeným připravením je snadno dosažitelný.

Typ ODIN: Odin vom Saarforst, nar. 10. dubna 1925

Charakteristika: Vynikající hledání, obvykle hlasitost na stopě. Chut' pro přinášení, ostrost a práci na vodě. Vystavování se začíná projevovat až později, pak je ale pevné a spojené s rychlým hledáním. Dobrý charakter, inteligence, loajalita a tvrdost. Typ Odin je dnes nejrozšířenější typ DD.

Typ HARRAS : Harras Bigge, nar. 14. dubna 1924

Charakteristika: Robustní, velmi pevných nervů, velmi ostří. Dobří při vodních pracech, teperamentní, hlasitost na stopě s až přílišnou vášní pronásledovat. Slabší vystavování. Tito psi vyžadují v poli pevnou ruku.

10.4 Historie plemene Korthalsův griffon (Wirehaired Pointing Griffon) (WPG, KG)



Obr. 36: Pes WPG neboli Korthalsův grifon (USA). Plemeno má o několik centimetrů nižší kohoutkovou výšku než český fousek. Dostupné z: <http://www.dakotagriffons.com/>.

V Holandsku se vyvinul WPG, známý také jako Korthalsův grifon, v takové formě jak ho známe dnes. I když je označení „grifon“ původem francouzský, WPG je původem čistě holandský (Nelson, 2011). Z osobního sdělení jedné holandské chovatelky (van den Berg, 2014, osobní sdělení) však vyplývá, že Eduard Korthals byl sice národností holand'an, ale plemeno vyšlechtil ve Francii. Sami

holand'ané proto nepovažují WPG za holandské. Tomuto tvrzení dává za pravdu i Klement (2005), který uvádí, že ve Francii došlo ke vniku dvou forem grifonů. Jedna forma byla s kratší tvrdou srstí, kterou Korthals zušlechtil, druhá forma pak měla srst delší, zvlněnou. Tato druhá forma se nazývala *boulet* a nikdy nedosáhla takové obliby jako Korthalsovi grifoni (Klement, 2005).

Zatímco zmínky o „grifonech“ můžeme najít v historických dokumentech již z roku 1545, vývoj moderního WPG ve skutečnosti začal až v roce 1853, když mladý holandský vášnivý lovec, Eduard Karel Korthals, začal vytvářet psa, o kterém si myslel, že je to ideální pomocník pro pozemního lovce (Nelson, 2011). Korthals začal chovat grifony pro výkon v roce 1873. Založil klub grifonů v roce 1883 a byl schopen úspěšně odolávat trendu tehdejší doby - čistokrevné plemenitbě. Pod jeho vedením tento klub adoptoval myšlenku, že všechna hrubosrstá plemena jsou geneticky shodná a mohou být proto použita pro vzájemnou plemenitbu. S touto filozofií se nejprve plemeno rozvíjelo dobře (Grady, 2013). Po

Korthalsově smrti, v roce 1896, se někteří chovatelé rozhodli křížit grifony s německým krátkosrstým ohařem. Zastánci Korthalsova grifona ale s tímto nesouhlasili, tvrdili, že se tím zničí celoživotní Korthalsovo snažení. V té době se u tohoto plemene začalo s čistokrevnou plemenitbou (Bailey, 1996).

Zatímco není absolutně jisté jak Korthals vyvinul prapůvodce plemene, původ pravých grifonů mohl být v prastarém plemeni zvaném Griffon Hound. Nejméně jedna zmínka ve vývoji plemene zmiňuje „ohaře“, pravděpodobně německého krátkosrstého ohaře (Nelson, 2011).

Další zdroje se dohadují o tom, že mezi přispěvatele do Korthalsova plemene patří i španělé, Otterhoundi (vydraři), francouzští Barbeti (vodní přinašeči) a setři. K ještě většímu zmatení přispívá i fakt, že v historické Evropě se všichni psi, kteří měli hrubou srst, nazývali grifoni a dodnes se tak všichni hrubosrstí psi nazývají, včetně italského spinone (Nelson, 2011).

WPG je relativně vzácné plemeno mezi loveckými psy. Byl vyvinut k tomu, aby byl vytrvalý

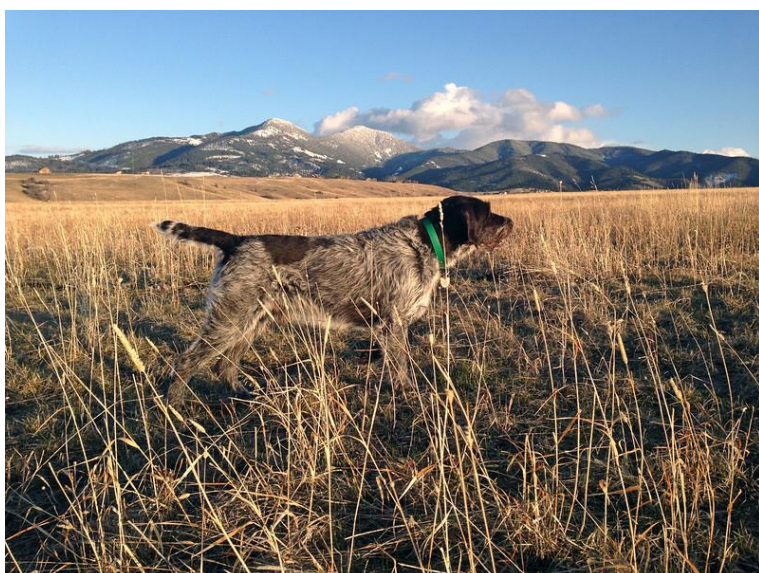


Obr. 37: Pes plemene WPG Ch. Alibi's Montana Gold (USA). Psi tohoto plemene mají zpravidla delší srst než ČF a DD, zvláště na hlavě jsou znaky velmi výrazné (Nelson, 2011).

pes, pracující v dostřelové vzdálenosti brokovnice, schopný pracovat v močálovitých, nízko položených oblastech, v Nizozemsku tolik běžných. WPG měl odolnou srst, a barvu, kterou splýval s okolím čímž neplašil zvěř, když se svým lovcem čekali na vodní ptactvo nebo když šoulali krajinou za srstnatou zvěří (Nelson, 2011).

Plemeno bylo představeno v USA na konci 19. století a zůstalo v podstatě stejné, jak ho Korthals vyvinul až do 80. let 20. století, kdy se skupina Severní Ameriky (GNA), rozhodla, že grifon potřebuje přilítí cizí krve, aby se zlepšily horšící se lovecké instinkty a snižující se genetická variabilita. Bylo rozhodnuto zkřížit tyto psy s českým fouskem, podobně vypadajícím plemenem z Československa s loveckým stylem podobným jako měl WPG (Nelson, 2011).

V roce 1951 byl založen Wirehaired Pointing Griffon Club of America (WPGCA) (Bailey, 1996). Křížení fousků a grifonů, které započalo v roce 1984, podle WPGCA funguje. Srst se zlepšila – vymizela příliš jemná srst a zůstala jen požadovaná hrubá. Zlepšil se tzv. drive, tzn. lovecká vášeň a zůstala spolupráce s vůdcem. Hlavním cílem WPGCA je získat co nejlepšího loveckého psa a neštítí se míšení krve různých hrubosrstých plemen, pokud to znamená zlepšení výkonu a zdraví (Carty, 2010). Zastánci čistokrevných grifonů se začali obracet se stížnostmi k AKC, sdružili se pod American Wirehaired Pointing Griffon Association (AWPGA) a odmítali provádění změn v Korthalsově vizi a záměru. Tvrdili, že křížením potomků WPG a českých fousků už nikdy nebude plemeno pravým grifonem a v roce 1991 AKC souhlasila. Do té doby byl hlavním chovatelským klubem v USA WPGCA. Po tomto sporu však AKC jmenoval American Wirehaired Pointing Griffon Association (AWPGA) jako hlavní chovatelský klub pro WPG v USA (Nelson, 2011).



Obr. 38: Pes klubu WPGCA Ander of Hundgaard (USA), majitel: Richard Sojda; Je patrná přiléhavější srst, jedinec je podobnější českým fouskům než čistokrevný WPG. Autor: Richard Sojda.

Kromě WPGCA neexistuje v USA žádný chovný program pro plemeno WPG. Chovatelé si proto sami volí, se kterými psy budou krýt a tím také, kam se plemeno bude ubírat po stránce exteriérové i pracovní. Zastánci procesu regenerace pomocí českých fousků tvrdí, že čistokrevní grifoni už nejsou tím plemenem, které Korthals původně vyšlechtil, tvrdí, že ztrácí lovecké vlastnosti a také vzhled se stává nežádoucím.

Například srst se stala mnohem delší a měkčí než je u hrubosrstých plemen žádoucí (Bailey, 1996).

Navíc všechny organizace počínaje třemi hlavními chovatelskými kluby v Severní Americe (AKC, UKC, CKC) spolu s FCI, NAVHDA a evropskými organizacemi pro chovatele grifonů a fousků odmítly registraci a testování kříženců WPG a fousků. Rozdíly v názorech mezi zastánci WPG a zastánci kříženců fousků a grifonů zůstávají dodnes nevyřešeny. Jediná

organizace, která registruje a uznává křížence fousků a grifonů je WPGCA. Ta také vytvořila vlastní standard pro tyto psy a pořádá pro ně i vlastní zkoušky z výkonu (Nelson, 2011). WPGCA přistoupil ke křížení fousků a grifonů z důvodu snižující se genetické variability plemene a také získání lepšího loveckého psa. Například ve Velké Británii, kde bylo v roce 2010 asi 260 jedinců plemene Korthalsův grifon se bere křížení grifonů s jinými plemeny jako nepřijatelné a v současné době je vyžadováno i genetické vyšetření k prokázání "čistoty" chovných psů. Toto genetické vyšetření spočívá ve zjištění podoby genu "ky". Pokud je jedinec v tomto genu recesivní homozygot, objeví se odchylka ve zbarvení - pálení. Tato barva se ukázala být "cizí" v tomto plemeni a proto indikuje jedince s přikřížením jiných plemen. Velká Británie je tak jednou z posledních zemí, kde můžeme najít "čisté" Korthalsovy grifony (Perry, 2010; Ptak, 2011).

Další organizací, která v USA může registrovat GWP je FDSB. Ta ale registruje pouze fieldtrailové psy, ne všestranné. Navíc, tato registrace nepodléhá žádné kontrole. Má-li tedy chovatel psa registrovaného pod AKC nebo FDSB, může krýt s kterýmkoli jiným psem. Tato registrace je tedy pro účely klubu nevhodná, proto má WPGCA vlastní registraci psů (Bailey, 1996).

V roce 1983 si chovatelé uvědomili, že plemeno má velmi málo chovných jedinců, konkrétně fen. Protože v minulosti již byly vyzkoušeny různé kombinace jedinců zbývajících v plemeni a také import jedinců z jiných míst USA bez valného dlouhotrvajícího efektu, bylo rozhodnuto využít přikřížení jiných plemen. Hlavními problémy vyplývajícími ze snižující se genetické variability byly horšící se temperament (bázlivost) a snižující se lovecká vášeň. Plemena, která byla vybrána pro tento účel, byla původně německý krátkosrstý ohař, německý drátosrstý ohař a český fousek. Později, po zvážení různých možností, bylo rozhodnuto, že pro regeneraci grifonů bude použit český fousek. Někteří členové klubu s přiléváním krve cizích plemen nesouhlasili a z klubu na protest vystoupili. Tito lidé byli zastánci čistokrevné plemenitby. V roce 1984 byli importováni do USA tři jedinci ČF (jeden pes a dvě feny). Výsledky se dostavily velmi brzy. Chovatelé grifonů pozorovali výrazné zlepšení loveckých vlastností a temperamentu (Bailey, 1996).

V roce 2014 bylo do USA exportováno 8 štěňat českých fousků, která by se měla podílet na chovu WPG pod WPGCA (Morbicer, 2014, osobní sdělení). V roce 2015 je plánováno importovat do USA dalších jedenáct štěňat ČF (Connell, 2015, osobní sdělení).

Od začátku roku 2015 je klub přejmenován na Bohemian Wire-haired Pointing Griffon Club of America (BWPGCA). K tomuto kroku bylo přistoupeno poté, co zastánci čistokrevných WPG začali volat po změně názvu klubu. Podle nich už psi z klubu WPGCA nemají nic společného s čistokrevnými WPG (Sojda, 2015, osobní sdělení) a také z toho důvodu, aby název klubu lépe vystihoval plemeno, jehož chov je tímto klubem zaštiťován (Pool, 2015).

10.5 Historie plemene německý krátkosrstý ohař (NKO)

Evropští krátkosrstí ohaři nevznikli a nevyvíjeli se ve všech zemích současně. Příčinou toho byl především různý stupeň kultury, různé stavy zvěře, zejména pernaté, jakož i rozdílný stupeň lovecké a tím i kynologické vyspělosti. V jihoevropských zemích kvetlo ve středověku



Obr. 39: Starošpanělský pointer - toto plemeno bylo pravděpodobně použito při vzniku plemene NKO. Dostupné z: <http://retrieverman.net/2011/04/09/old-spanish-pointer-by-george-stubbs/>.

zbrojířství jako nikde jinde. Palné zbraně byly v Itálii a Španělsku používány asi o 100 let dříve než v Evropě. Není proto náhoda, že se krátkosrstí ohaři vyvinuli nejdříve na jihu Evropy (web KCHNKO, 2014).

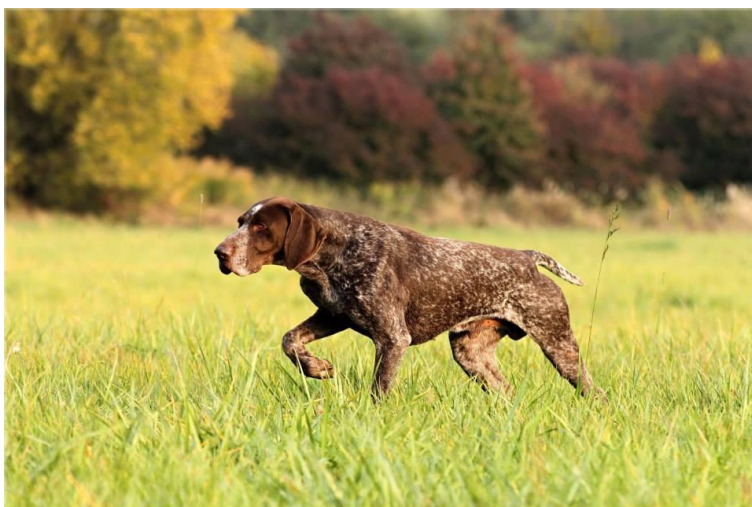
Do Německa přicházejí italští, francouzští a španělští krátkosrstí ohaři, stejně jako anglický pointer. Všichni tyto psi se pochopitelně používali více méně i k zušlechtění domácích chovů, ovšem jejich podíl na zušlechtění

německého krátkosrstého ohaře byl různý (web KCHNKO, 2014).

Německý krátkosrstý ohař byl vyšlechtěn z honiče, z něhož vznikl dávno před tím také německý černobíločervený barvář. S tímto barvářem byl původní staroněmecký krátkosrstý ohař křížen (Klement, 2005). Během 15. století dovezli Němci ze Španělska starého španělského pointra (Old Spanish Pointer) (Parraet al., 2008). První jedinci tohoto plemene byli dovezeni a také používáni jen pro vystavování pernaté, později bylo toto plemeno použito ke křížení se staroněmeckým krátkosrstým ohařem (Parra et al., 2008; Klement, 2005). Výsledkem křížení byl silný pes s těžkou hlavou, který vystavoval pernatou a spolehlivě pracoval na stopě (Klement, 2005).

Přibližně v téže době se začaly rozšiřovat i ve střední Evropě palné zbraně. V důsledku toho vyvstaly nové požadavky na práci loveckých psů jak před ránou, tak i po ráně. Francouzi, Italové a Angličané viděli vyřešení těchto požadavků ve vyšlechtění plemen loveckých psů, kteří by byli ve svém oboru specialisty. Němci se pokusili vytvořit jedno plemeno pro všechny obory (web KCHNKO, 2014).

Až do čtyřicátých let 19. století byl německý krátkosrstý ohař ve stálém rozvoji, zato doba mezi 1839 až 1879 představuje údobí ustrnutí, ne-li jeho úpadek. Německý krátkosrstý ohař



Obr. 40: Tyický jedinec plemene NKOCh. Chris ze Štípek při vystavování; majitel psa: Sára Kršíková Pešatová; autor: Iveta Dočkalová

byl stále více zatlačován do pozadí anglickými psy, kterým byla dávana přednost pro jejich rychlost, temperament, způsob hledání a pro jejich dobrý nos (web KCHNKO, 2014).

Teprve koncem 19. století nastává obrat k lepšímu. Zušlechtění NKO se ale oddálilo kvůli přístupu německých kynologů, kteří odmítali křížení s anglickými

pointery i přes to, že NKO nebyl vytrvalý, hledal krokem a měl slabší nos (web KCHNKO, 2014).

I přes tuto skutečnost se nakonec k zušlechtění NKO pointery přistoupilo. Od té doby nastává opět rozvoj německého krátkosrstého ohaře. Zasloužil se o to v r. 1890 založený „Klub Kurzhaar“ (Klub krátkosrstý ohař) a někteří z chovatelů. Zájem o krátkosrstého ohaře vzrůstal. Němečtí chovatelé použili pointera přirozeně i v jiných případech k zušlechtění německého krátkosrstého ohaře (Klement, 2005). Parra et al. (2008) uvádí, že také ve Španělsku vyšlechtěné plemeno Burgos Pointing dog, vzniklé z křížení starého španělského pointera a španělského psa (Spanish hound), bylo v 19. a 20. století vyváženo do Německa, kde se křížilo se staroněmeckým ohařem a také s výše uvedeným pointerem a dali tak vzniku současného německého krátkosrstého ohaře.

Jisté je, že NKO z pozdějších let začátku 20. století byl sice menší, zato však rychlejší, vytrvalejší a tím i výkonnější, než byl staroněmecký krátkosrstý ohař. Získal i exteriérově, i na způsobu hledání, jakož i na kvalitě nosu, podržel však spolehlivost a stopovací schopnosti, které učinily staroněmeckého ohaře tak oblíbeným (Klement, 2005; web KCHNKO, 2014).

Po stránce původové je tedy NKO v podstatě křížencem staroněmeckého krátkosrstého ohaře se starošpanělským pointrem, zušlechtěný anglickým pointrem, při čemž v něm převládá krev honičů. Po stránce výkonnosti představuje nový typ loveckého psa, který při řádném výcviku a vedení zastává práci anglického ohaře, retrívra, barváře, španěla, labradora a pokud jde o práci na škodnou na povrchu, i práci teriéra (web KCHNKO, 2014).