

GENETIKA V MYSLIVOSTI

Historie genetiky

V r. 1865 publikoval Johann Gregor Mendel výsledky svých pokusů s hrachem v časopisu Brněnského přírodovědeckého spolku, kde formuloval principy přenosu vlastností mezi organismy. Jeho poznatky se však začaly využívat až po r. 1900, kdy byly znovu objeveny de Vriesem, Tschermakem a Corrensem. Dnes jsou všeobecně známé jako tzv. "Mendelovy principy". V r. 1933 obdržel Thomas Hunt Morgan Nobelovu cenu za definování uspořádání jednotlivých genů v chromozomech a vysvětlení funkce chromozomů při dědičnosti.

V 50. letech minulého století popsali J. D. Watson, F. H. C. Crick a M. H. F. Wilkins strukturu a význam nukleových kyselin, což způsobilo rozmach genetiky a vznik další specializované oblasti genetiky - molekulární genetiky. Pomocí metod této disciplíny byl v r. 1999 popsán genetický kód člověka a o čtyři roky později rozluštěn celý lidský genom. Průběžně jsou zkoumány genomy pro různá hospodářská zvířata (prase, skot, pes aj.).

Základní pojmy

Genetika je nauka o dědičnosti a proměnlivosti znaků. **Znakem** se v genetice označují vlastnosti organismů nebo buněk. Rozdělujeme je na znaky **morfologické** (tvar a rozměry těla i jeho jednotlivých orgánů), **funkční** (vykonávání určitých životních funkcí) a **psychické** (temperament, inteligence, nadání). Východiskem kteréhokoli znaku je určitá biochemická reakce, která je podmíněna specifickým enzymem.

Některé znaky potomka jsou shodné se znaky rodičů a jsou dány dědičnou informací, přenášenou rozmnožováním. Dědičná informace je uložena v **chromozómech**, což jsou pentlicovité útvary v buněčném jádře, tvořené komplexem bílkovin a nukleových kyselin. Každý živočišný druh má většinou určitý počet chromozómů v každé buňce, což nazýváme **karyotypem**. Počet chromozómů v diploidních tělních buňkách je dán součtem chromozómů haploidních pohlavních buněk, jejichž splynutím jedinec vznikl. Na řetězcích nukleových kyselin je kódována genetická informace na základě kombinací čtyř dusíkatých bází (adenin a thymin, cytosin a guanin). Znaky z rodičů na potomky se nepřenášejí jako takové, ale přenášejí se jen **vlohy**, dědičné předpoklady, informace pro jejich vytvoření. Jednotkou genetické informace je tedy **gen** (vloha), který je materiálním nosičem znaků. Znaky rozdělujeme na **kvalitativní**, které podstatně neovlivňuje prostředí, jsou určeny **geny velkého účinku** a dědičně bývají určeny jedním genem (např. zbarvení, krevní skupina). **Kvantitativní**, které jsou ovlivněny prostředím, je možné je měřit, vyjadřovat je ve vhodných jednotkách a jsou podmíněny skupinou genů – **geny malého účinku** (např. tělesné rozměry, parožení). Geny pak určují znaky v jejich konkrétních kvalitách i kvantitách, proto každý gen existuje ve dvou až v mnoha konkrétních podobách, jež se nazývají **alely**. **Alela** je tedy alternativní variantou určitého genu a nachází se u všech jedinců stejného druhu na stejném místě v **genomu**, což je soubor genů. Soubor všech genů o konkrétních alelách se označuje jako **genotyp**. Tedy v užším slova smyslu je genotyp soubor alel jedince pro určitý znak. Genotyp souhrnně určuje rozsah fenotypových možností jedince a jeho konkrétní fenotyp pak na jeho základě modeluje svými vlivy prostředí, ve kterém se vyvíjí a žije. **Fenotyp** jedince je tedy určen projevem genotypu, na který působí prostředí. Soubor všech alel a genů v populaci pak nazýváme **genofond**. Genetická variabilita populace je dána počtem polymorfních genů a počtem alel každého polymorfního genu. Je důležité si uvědomit, že každý potomek získává pro určitý gen, který je tvořen dvěma alelami, vždy jednu alelu od matky a jednu alelu otce. Potomek tedy nemůže mít více vloh od některého z rodičů, pokud se nejedná o geny, které jsou umístěny na pohlavních chromozómech. Každý jedinec má tedy přibližně stejný počet vloh od každého z rodičů. Polymorfismus genu pak umožňuje, že se v populaci vyskytují jedinci **heterozygotní**, tzn. že od každého z rodičů obdrželi jinou alelu tohoto genu. Dále pak

jedinci **homozygotní**, kteří získali od každého z rodičů shodnou alelu. Dvě alely jedince, které určují daný gen, mohou být ve vzájemném vztahu **úplné** či **neúplné dominance** a **úplné** či **neúplné recesivity** nebo také **kodominance**. Jestliže se heterozygot (např. s alelami Aa) v daném znaku fenotypově neliší od dominantního homozygota AA, jde o úplnou dominanci. Alela a je v tomto případě úplně recesivní vůči alele A. U heterozygota se tedy recesivní alela ve fenotypu neprojevuje. Jestliže se však heterozygot v daném znaku od homozygotů odlišuje a jeví v daném znaku kvalitu, která je někde mezi kvalitou homozygota dominantního a recesivního, podílejí se na vytvoření formy znaku u heterozygota obě alely nestejnou měrou. Jedna více, pak je neúplně dominantní a druhá méně, pak je neúplně recesivní. Pokud se podílejí obě stejnou měrou, hovoříme o **intermediaritě**. Kodominantní jsou pak obě alely páru, které jsou plně exprimovány v heterozygotním genotypu, tzn. že se obě párové dominantní alely projevují v obraze daného monogenního znaku obě vedle sebe (takovým příkladem je dědičnost krevní skupiny). Obecně pak platí, čím je vyšší genetická variabilita a heterozygotnost v populaci, tím je populace životaschopnější a adaptabilnější na změny podmínek prostředí.

Selekce v myslivosti a farmových chovech

Selekce (výběr) je nejvýznamnějším činitelem ovlivňujícím změnu v genovém složení populace a může značně přispět k jejímu zušlechťování. Opačně pak může nesprávná selekce vést k degradaci populace. Je nutné si uvědomit, že selekce na nějaký znak (např. bílé zbarvení, vyšší přírůstky), může vést ke snížení projevu znaku jiného (např. plodnost, imunita, kvalita zvěřiny). Proto je při selekci zvěře (zejména v oborách a farmových chovech) důležité, abychom se nesoustředili pouze na efekt jednoho znaku, ale sledovali znaky několik. Při dodržení této zásady je pak možné zvýšit selekční efekt při zachování životaschopnosti populace. U hospodářských zvířat lze provádět selekci razantněji, jelikož můžeme těmto zvířatům dokonaleji přizpůsobit prostředí, ve kterém žijí a lépe udržovat jejich imunitu. Na úspěšnost selekce má vliv tzv. koeficient heritability – h^2 (dědivosti), což je podíl genotypu z celkové fenotypové proměnlivosti. Pohybuje se v rozmezí od 0 do 1. Čím je jeho hodnota vyšší, tím vyšší je podíl genotypu a jednodušší selekce na daný znak. Například koeficient dědivosti pro hmotnost paroží udává Martínková (Encyklopedie myslivosti, 2003) 0,30 – 0,35, což znamená, že se na hmotnosti paroží podílejí minimálně z 65% vlivy prostředí (výživa, klimatické podmínky, zdravotní stav aj.). Účinnost selekce vyjadřuje **selekční efekt**, což je rozdíl mezi průměrným výskytem sledovaného znaku v generaci potomků a průměrným výskytem téhož znaku v rodičovské generaci. Při selekci dále hraje roli **heterózní efekt**, což je projev křížení co nejméně podobných rodičů, při němž dochází ke zlepšování celkové kondice v populaci a **inbřidingová deprese**, což je projev příbuzenského křížení, při němž naopak dochází ke snižování celkové kondice v populaci.

Molekulární genetika

Molekulární genetika se zabývá zkoumáním vztahů mezi fyzikálně-chemickou a biologickou rovinou, které svými interakcemi určují veškeré živé soustavy. Velmi zjednodušeně lze říci, že zkoumá vliv jednotlivých genů na určité fyziologické a morfologické vlastnosti jedince a co vše jejich projev způsobuje (nejpoužívanější metodou je PCR-RFLP). Molekulární genetika je schopna pomocí dalších metod identifikovat jedince, určovat příbuzenské vztahy mezi nimi (parentita) a bezpečně stanovit rodiče (paternita). Metody založené na molekulárně - genetických postupech se tedy jeví jako nejspolehlivější k vzájemnému rozlišování živočišných druhů či poddruhů, identifikaci jedince, příbuzenských vztahů, původu a charakteristice některých ekologicky a ekonomicky významných vlastností. Znalosti z této oblasti jsou v současné době postupně uplatňovány ve většině činností spojených s biologickými procesy a logicky nemohou opomenout ani myslivost.

Ačkoli se zdá, že je molekulární genetika úzce specializovaným oborem, opak je pravdou. Využíváním a kombinováním poznatků z jiných vědních oborů, jež dává do souvislostí, rozšiřuje nové náhledy na principy a příčiny fungování živých soustav. Jako příklad propojení této disciplíny s jinými obory lze uvést zoologii a botaniku, kde se těchto poznatků používá především k zařazování do systému. V ekologii a ochraně přírody je využívána možnost identifikace jedince, což umožňuje snadnější kontrolu nezákonného obchodování s chráněnými a zvláště chráněnými živočichy. Patří sem také porovnávání populací a určování genetického původu. Z hlediska veterinárního lékařství se řeší otázky odolnosti vůči některým chorobám nebo příčiny snížení reprodukční schopnosti. V zootechnice se využívá především možnosti testování původu zvířat a jejich produkčních a hospodářsky významných vlastností. Monitorování zdravotního stavu a rychlé určení příčin infekce rostlin se používá ve fytopatologii. Zajisté by se daly uvést ještě další příklady uplatnění teoretických a praktických znalostí metod molekulární genetiky v jiných oborech souvisejících s myslivostí, ale věnujme se již "myslivecké genetice".

Molekulární genetika v myslivosti

Přestože byly některé přínosy již výše naznačeny, rozvíňme je ve větším měřítku a z více pohledů. V první řadě tento obor umožní zrychlení mysliveckého výzkumu. Bude možné monitorovat genotypy geograficky vzdálených populací jednotlivých druhů zvěře, na jejichž základě mohou být předurčeny možnosti vzniku některých chorob a pravděpodobný morfologický či fyziologický vývoj (např. porodnost, vitalita po narození, přírůstek mláďat aj.). Z těchto základních poznatků lze později sestavovat genetické mapy, kontrolovat fylogenezi druhů, udržovat genetickou diverzitu na základě chovu zvěře jako genové rezervy, kontrolovat genealogické linie kvalitní trofejové oborní zvěře nebo plemen loveckých psů a také kontrolovat původ dravců používaných v sokolnictví. Nabízí se také možnost odpovědět na tolik diskutované otázky o existenci poddruhů některých druhů zvěře nebo jejího původu. V neposlední řadě se nám otevírá nové pole informací, které by mohlo zjistit další souvislosti s otázkami adaptability, reprodukce, imunity nebo změn v genomu zvěře vlivem změn životního prostředí. V současnosti se také již těchto znalostí využívá ve šlechtění některých hospodářsky významných zvířat (např. využití hybridů černé zvěře s plemeny domestikovaných prasat ke zlepšení imunity a kvality masa).

Pro praxi budou poznatky z molekulární genetiky největším přínosem v oborních chovech, farmových chovech a v chovu loveckých psů, kde se dají důsledněji prosadit šlechtitelské zásady a cíle (např. možnost ovlivňovat selekci trofejově kvalitních populací, imunitu, plodnost, přírůstky, kvalitu a původ jedince či zvěřiny apod.). Důležitost jejich aplikace u volně žijících populací zvěře spočívá především v kontrolovaném zachování genetické diverzity, což zaručuje jejich dobrou kondici a zdravotní stav, adaptabilitu na změny prostředí a schopnost reprodukce. Z uvedeného vyplývá, že bude možné cíleně doplňovat určité "chybějící" genotypy do oddělených populací, které požadovaným genotypem nedisponují, což zamezí postupné degradaci populace na daném území. Příkladem může být výstavba sítí rychlostních komunikací, které tvoří migrační bariéry a finančně nákladné průchody či přechody pro zvěř velmi často neplní požadovanou funkci. Opačně lze využít genotypového monitoringu pro udržení životaschopnosti a specifických vlastností přirozeně izolovaných populací, které jsou svým způsobem jedinečné a zachovat je tak pro další generace.

Příklady využití genetiky v myslivecké praxi

Jedním z praktických příkladů využití je genetika zbarvení bílé jelení zvěře. Na teoretickém základě se předpokládají tři párová alely, které určují zbarvení jedince. Jde o alelu A, která podmiňuje rezavohnědé zbarvení, alelu W, která podmiňuje bílé zbarvení a alelu S, která podmiňuje strakatost. V této souvislosti je nutné vysvětlit pojem **epistatický pár alel**, což

znamená, že tento alelický pár je nadřazený páru jinému. Za nejvíce epistatický pár považujeme pár pro zbarvení divoké (aguti) A. Pokud se tedy u jedince objeví genotyp AA nebo Aa, bude zbarvení rezavohnědé bez ohledu na genotypy pro bílé zbarvení nebo strakatost. Tyto se mohou projevit pouze v případě recesivního homozygota aa. Bílé zbarvení jedince bude tedy v tomto případě vždy, pokud se v jeho alelickém páru pro bílé zbarvení vyskytuje alespoň jedna dominantní alela W. Pokud jde o recesivního homozygota ww, bude tento jedinec rezavohnědý i v případě, že jeho genotyp pro zbarvení aguti je aa, jelikož je alelický pár tohoto zbarvení nadřazený nad jiné. Strakatost naopak má recesivní charakter ss. Takový jedinec se objeví pouze v případě, že je recesivní homozygot pro zbarvení aguti a má alespoň jednu dominantní alelu pro bílé zbarvení. Alelický pár pro strakatost se tedy nejvíce k bílému zbarvení ve vztahu epistáze či hypostáze, ale rozhoduje o projevu strakatosti. Dále existuje ještě domněnka, že by určitá kombinace genů mohla mít letální účinky v embryonálním vývoji jedince. Podle analogie s jinými druhy savců by možným kandidátem mohla být kombinace WW. Tento předpoklad je však nutné ještě prokázat nebo vyvrátit výzkumem. V současné době jsou už známy geny, které ovlivňují bílé zbarvení a je pouze otázkou času, kdy molekulární genetika odpoví přesněji na tyto otázky. Přehled předpokládaných genotypů je uveden v následující tabulce.

Tab. 1: Pravděpodobné genotypy zbarvení bílé jelení zvěře (Vach a kol., Myslivost, 1997. Upraveno.)

Genotyp	Výsledné zbarvení
<i>AAWwSs</i>	divoké
<i>AAWwss</i>	divoké
<i>AaWwSs</i>	divoké
<i>AawwSs</i>	divoké
<i>Aawwss</i>	divoké
<i>aawwss</i>	divoké
<i>AaWWsS</i>	divoké (možný úhyn embrya)
<i>aaWwSs</i>	bílé
<i>aaWWsS</i>	bílé (možný úhyn embrya)
<i>aaWwss</i>	bílé, strakaté
<i>aaWWss</i>	bílé, strakaté (možný úhyn embrya)
<i>AAWWss</i>	zřejmě úhyn embrya
<i>AAWWsS</i>	zřejmě úhyn embrya

Dalším příkladem využití genetiky je v kynologické praxi, kdy se dnes již u některých plemen provádí testování rodičovství pomocí mikrosatelitních analýz. Dále jsou sledovány dědičné choroby, zejména poruchy zraku. Pomocí metod molekulární genetiky lze tedy již předem zjistit nositele nežádoucích alel, které způsobují onemocnění, a vyřadit je z dalšího chovu, abychom předešli narození postižených štěňat.

Aktuálně v „Laboratoriu genetiky živočichů“ Ústavu ochrany lesů a myslivosti LDF MZLU v Brně řešíme problematiku černé zvěře. Z barvy živé i ulovené zvěře izolujeme DNA. V dalším kroku zjišťujeme některé důležité údaje a měříme každý testovaný kus, což umožní zjistit jak se projevuje vliv jednotlivých genotypů studovaných genů na morfologické a fyziologické vlastnosti sledovaného jedince. Veškerý výzkum prozatím směřoval ke zjišťování genotypových a alelových frekvencí devíti kandidátních genů metodou PCR-RFLP u populací *Sus scrofa scrofa* a *Sus scrofa attila*. Porovnávali jsme také některá plemena

domestikovaných prasat. Kromě toho jsme sledovali vliv jednotlivých alel na určité vlastnosti jedince.

Za všechny prozatím zjištěné výsledky můžeme jako příklad uvést gen *ESR2*, který u prasat významně souvisí s velikostí vrhu. Heterozygotní genotyp je tvořen dvěma alelami (*C* a *D*) a alela "*D*" je udávána jako pozitivní alela k velikosti vrhu. Znamená to, že jedinec disponující genotypem *DD* má předpoklady k vyššímu počtu selat ve vrhu. U 139 testovaných divočáků jsme však alelu "*D*" dosud neobjevili, objevoval se pouze typ recesivního homozygota *CC*, který má predispozice k nižší plodnosti. Otázka reprodukce prasat však není ani z pohledu genetiky jednoznačná, protože existují i jiné geny související s plodností. Naše laboratoř testuje ještě další dva takové geny a jeden gen, u kterého se předpokládá jistá souvislost s plodností.

Další sledovanou skupinou genů jsou geny, které se podílejí na tělesném růstu a kvalitě zvěřiny. Jde např. o gen leptin (*LEP*, dříve nazýván genem obezity), který je považován za možný kandidátní gen pro ukládání tuků v těle, příjem potravy, pocit nasycení a prokázány byly také jisté asociace s plodností. Objevili jsme již výskyt obou jeho alel (*C* a *T*), přičemž nejčtenější zastoupení měla alela "*T*". Ta je považována za "alelu tučnosti", a proto mají jedinci s genotypem *TT* vyšší předpoklady k obezitě, zvýšenému příjmu potravy a předpokládá se také sekundární souvislost se snížením plodnosti. Jako poslední příklad bychom zmínili gen *CRC1*, který souvisí s kvalitou zvěřiny. Poprvé byl nazván jako halotanový či stresový gen a jeho recesivní alela "*n*" podmiňuje syndrom maligní hypertemie, která je součástí snížené adaptační schopnosti nazvané prasečí stresový syndrom. Domácí prasata s tímto syndromem jsou náchylná na stresové situace, dochází k jejich úhynu nebo mají nekvalitní maso, které se vyznačuje tím, že je světlé, vodnaté a má vyšší pH. U všech námi sledovaných divočáků jsme zjistili pouze výskyt jedinců s genotypem *NN*, který zaručuje kvalitu zvěřiny. U některých domácích prasat se může objevit genotyp *nn* nebo *Nn*, avšak takové jedince se většinou snažíme testováním z chovu vyloučit. Maso z těchto zvířat je totiž světlé barvy, vodnaté a chuťově nevalné kvality.

V letošním roce jsme, ve spolupráci s "Laboratoří sekvenování" AF MZLU v Brně, zavedli metodiku určování polymorfismu mikrosatelitů, což umožní určovat parentitu, paternitu a identifikovat jedince. Konkrétně je této metody v současnosti využíváno pro zefektivnění selekce v oborním chovu bílé jelení zvěře u LČR, s.p.. Určení konkrétního jedince by mohlo být také dobře využitelné při prodeji zvěřiny do veřejného stravování, kde je původ zvěřiny občas nejasný a spotřebitel se v takovém případě vystavuje možnému riziku ohrožení zdraví. V budoucnu by mohlo jít např. o kontrolu onemocnění chřadnutí jelenovitých (*jde však prozatím o hypotézu, jelikož se pouze předpokládá, že je podmíněno geneticky*), což je obdoba BSE existujícího u skotu. Určení paternity či parentity je velmi dobře využitelné při cíleném nákupu zvěře pro posílení chovu trofejové zvěře nebo "osvěžení krve" v zájmové oblasti - především v oborách a farmových chovech. Taková zvěř by byla otestována, nekupovali bychom tzv. "zajíce v pytli" a měli bychom jistotu původu zvěře. Stejně lze této výhody využít při nákupu loveckého psa nebo dravce, kdy požadujeme záruku o jeho původu.

Zcela na závěr je nutné znovu připomenout, že je velmi důležité propojení molekulární genetiky s jinými vědními disciplínami, abychom mohli veškeré její přednosti a možnosti hodnotně využít ve prospěch zvěře a jejího životního prostředí, pro udržení kvality chovů zvěře, loveckých plemen psů nebo sokolnických dravců.