

GENETIC DIVERSITY IN CAUCASIAN SHEPHERD AND CZECH TERRIER DOG BREEDS USING MICROSATELLITE LOCI

Truksa M., Urban T., Putnová L.

Department of Animal Morphology, Physiology and Genetics, Faculty of Agronomy, Mendel University of Agriculture and Forestry in Brno, Zemedelska 1, 613 00, Brno, Czech Republic

E-mail: miloslav.truksa@seznam.cz, urban@mendelu.cz

ABSTRACT

Genetic variability of two dog breed, Caucasian Sheperd Dog and Czech Terrier was analyzed using a set of ten microsatellites. Caucasian Shepherd Dog is large and ancient population and Czech terrier is modern dog breed, its origin is clear. The Caucasian Sheperd Dog genetic variability was found very high, as it was expected. The Czech Terrier genetic variability was lower, but enough high for next breeding and unexpectedly variable when it was created with high degree of inbreeding.

Key words: Dog, *Canis familiaris*, diversity, inbreeding, microsatellites, genetic variability

Acknowledgments: This study was supported by IGA MZLU no. 21/2007.

ÚVOD

Příbuzenská plemenitba – inbreeding - s sebou nese riziko driftu a ztráty alel, přesto je od dob Roberta Backewella (1725 – 1795) jedním z pilířů moderního šlechtění, nehledě na to, že už ve starověku jejím prostřednictvím vznikala plemena koní, psů nebo i jiných zvířat, vždy ovšem za současného působení důkladné selekce.

Biodiverzita je skloňovaná ve všech oblastech biologie od ekologie, ochrany přírody až po biotechnologie, farmacii a zemědělství, jako podmínka stability ekosystémů země, zdroj výživy dosud hladem strádajícího lidstva, ale také genové bohatství živých organismů, které může a s jistotou i bude nalezištěm dosud neznámých léků. Z pohledu genetiky jde vlastně o bohatství genů, respektive alel.

Srovnání genetické diverzity u dvou plemen psů bylo myšleno především jako modelování situace různě velkých a různou selekcí vzniklých populací, přičemž bychom u jiných druhů hospodářských zvířat jen obtížně hledali populace nebo plemena s tak rozdílnou velikostí počáteční populace. Také správnost rodokmenů je u psů zřejmě o něco vyšší než například u skotu (záměny telat atd.)

Kavkazský pastevecký pes je velmi staré plemeno, jeho kořeny mohou sahát až do doby domestikace prvních ovcí a koz (nezbytná ochrana proti vlkům a medvědům), kdy se požadovali psi mohutnější než vlk.

Český teriér je plemeno vzniklé původně ze tří jedinců (fena a dva psi) s dodatečným přilítím krve dalšího jednoho zvířete (fena) asi po dvaceti letech a v počátcích chovu ještě byla uplatňována nejužší příbuzenská plemenitba. Je to jedna z nejužších příbuzenských plemenitb ze všech psích plemen chovaných v rámci FCI (Fédération Cynologique Internationale - Mezinárodní kynologická federace).

MATERIÁL A METODIKA

Sledované populace psů

Pro hodnocení genetické variability bylo vybráno 41 jedinců plemen kavkazský pastevecký pes a český teriér. Z plemene český teriér 21 jedinců z různých chovatelských stanic s původem z České republiky. U plemene kavkazský pastevecký pes 40 jedinců také z různých chovatelských stanic s původem z České republiky a několika zvířat importovaných z Ruska.

Sběr vzorků

Od obou plemen byly odebrány čtyři sliznice dutiny ústní (bukální stěr), v počtu kavkazský pastevecký pes (KAO) 40 vzorků a český teriér (CT) 21 vzorků

Stanovení polymorfismu mikrosatelitů

Mikrosatelity (FHC2079, FHC2054, FHC2010, PEZ1, PEZ3, PEZ5, PEZ6, PEZ8, PEZ12, PEZ20) byly analyzovány (StockMark® Paternity PCR Typing Kit; Applied Biosystems) podle doporučené metodiky. Fragmentační analýza byla provedena pomocí ABI PRISM® Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)

Analýza byla provedena v laboratořích molekulární genetiky Ústavu morfologie, fyziologie a genetiky zvířat.

Statistická analýza

Statistická analýza byla provedena pomocí programu GENEPOP 4.0.7 (ROUSSET 2007)

Výpočet četnosti genotypů a alel

Výpočet četnosti výskytu alel vychází ze vzorce

$$p = d + \frac{1}{2} h$$

$$q = r + \frac{1}{2} h$$

kde

p = relativní četnost dominantní alely

q = relativní četnost recesivní alely

d = relativní četnost dominantních homozygotů

h = relativní četnost heterozygotů

r = relativní četnost recesivních homozygotů

Genotypové a alelové frekvence byly počítány pro obě populace na všech lokusech

Výpočet heterozygotnosti vychází z Hardy-Weinbergova zákona, H - W test byl počítán pro obě plemena na deseti lokusech. Byl použit exaktní test pro více než čtyři alely (kompletní výpočet), odhad exaktních P-hodnot pomocí metody Markovových řetězců (ROUSSET 2007).

VÝSLEDKY A DISKUZE

U plemene český teriér byly hodnoty heterozygotnosti pozorované oproti hodnotám heterozygotnosti očekávané, na pěti lokusech větší, na jednom lokusu (PEZ6) sobě rovné a na čtyřech lokusech menší.

U plemene kavkazský pastevecký pes byly hodnoty heterozygotnosti pozorované oproti hodnotám heterozygotnosti očekávané, na pěti lokusech větší, na jednom lokusu, shodném jako u ČT sobě rovné (PEZ6) a na čtyřech lokusech menší.

Tab. 1 Počet alel (PA), velikost fragmentu (bp), heterozygotnost očekávaná (H_E), heterozygotnost pozorovaná (H_O), polymorfní informační obsah (PIC), pro plemeno český teriér (CT)

Lokus	Velikost (bp)	PA	H_E	H_O	PIC
FHC2010	227 – 231	2	0,483	0,571	0,360
FHC2054	147 – 159	3	0,589	0,571	0,497
PEZ1	110 – 122	3	0,570	0,476	0,491
PEZ12	268 – 284	3	0,668	0,619	0,578
PEZ20	175 – 183	2	0,048	0,048	0,045
PEZ5	102 – 110	3	0,641	0,762	0,551
FHC2079	273 – 285	3	0,511	0,667	0,374
PEZ3	123 – 126	2	0,508	0,619	0,373
PEZ6	176 – 192	5	0,538	0,538	0,497
PEZ8	231 – 243	2	0,316	0,286	0,261

Tab. 2 Počet alel (PA), velikost fragmentu (bp), heterozygotnost očekávaná (H_E), heterozygotnost pozorovaná (H_O), polymorfní informační obsah (PIC), pro plemeno kavkazský pastevecký pes (KAO)

Lokus	Velikost (bp)	PA	H_E	H_O	PIC
FHC2010	223 – 239	5	0,641	0,575	0,591
FHC2054	151 – 171	6	0,796	0,750	0,753
PEZ1	110 – 122	4	0,733	0,800	0,673
PEZ12	260 – 308	10	0,798	0,825	0,764
PEZ20	171 – 195	6	0,677	0,725	0,626
PEZ5	98 – 114	5	0,674	0,675	0,617
FHC2079	269 – 285	4	0,615	0,550	0,540
PEZ3	108 – 135	8	0,823	0,775	0,790
PEZ6	168 – 196	8	0,768	0,768	0,723
PEZ8	223 – 239	5	0,732	0,825	0,685

ZÁVĚR

Získané výsledky zřetelně ukazují na velký rozdíl mezi oběma plemeny, pokud jde o pestrost alel a odpovídají předpokladům, vzhledem k vzájemně zcela odlišné historii obou plemen, jejich vzniku i současné početnosti populaci.

Kavkazský pastevecký pes je plemeno s dostatečnou genovou variabilitou, počet alel i míra heterozygotnosti svědčí o dobrém „genetickém zdraví populace“ a dává dostatek prostoru pro udržení plemene i další šlechtění, případně odstraňování nežádoucích geneticky podmíněných vad (např. dysplazie kyčelního kloubu)

Český teriér je podstatně více uniformní, což se taktéž dalo očekávat, vzhledem k jeho vzniku z pouhých tří jedinců, přesto i u něho je pozorovaná heterozygotnost na dobré úrovni a dokonce i srovnatelná s jinými plemeny, které vznikly z mnohem početnějšího základu.

LITERATURA

ALTET, L., FRANCINO, O., SANCHEZ, A.: *Microsatellite polymorphism in closely related dogs*. J. Hered., 2001, 92: 276-279.

ČÍSAŘOVSKÝ, M.: *Plemena psů A-Z*, Praha, Brázda, 1995, 272 s., ISBN 80-209-0256-2

DOSTÁL, J.: *Genetika a šlechtění plemen psů*. České Budějovice, Dona, 2007, 262 s. ISBN 978-80-7322-104-1

DOSTÁL, J.: *Chov psů – Genetika v kynologické praxi*. České Budějovice, Dona, 1995, 208 s. ISBN 80-85463-58-X

FLEGR, J.: *Evoluční biologie*, Praha, Academia, 2005, 560 s., ISBN 80-200-1270-2

HARTL, D.L., CLARK, A.G.: *Principles of population genetics*, Sinauer Associates, 4thed. 2006, 652 s.

KENNEDY, L., BROWN, J., BARNES, A., OLLIER, W., KNYAZEV, S.: *Major histocompatibility complex typing of dogs shows further dog leukocyte antigen diversity*, Journal compilation, 2007 Blackwell Munksgaard – Tissue antigens 71, 151 – 156

KIRKNESS, E. F., BAFNA, V., HALPERN, A. L., LEVY, S., REMINGTON, K., RUSCH, D. B., DELCHER, A. L., POP, M., WANG, W., FRASER, C. M., VENTER, J. C. *The dog genome: survey sequencing and comparative analysis*. Science, 2003, 301:1898-903

KRASNOVSKAJA, O., PŠENIČNIKOVA, I., *Kavkazská ovčarka*, Moskva, Ipol, 1998, 224 s. ISBN 5-900144-11-9

KUBYNOVÁ, S.: *Kavkazský pastevecký pes*, Praha, Fortuna Print, 2005, 157 s., ISBN 80-7321-161-0

LUPKE, L., DISTL, O.: *Microsatellite marker analysis of the genetic variability in Hannoverian Hounds*. J. Anim. Breed. Genet., 2005, 122, 131-139.

PETRUSOVÁ, H.: *Český teriér*, Shiba, 1999, 159 s.

PUMPELLY, R.: *Explorations in Turkestan : Expedition of 1904, Prehistoric Civilization of Anau, Origin, Growth, and Influence of Environment* : vol.2 Washington, Carnegie Institution of Washington, 1908, dostupné na <http://dsr.nii.ac.jp/toyobunko/VIII-5-A-a-3/V-2/page/0147.html.ja>

REDLICKI, M., REDLICKA, A.: *Owczarki kaukaskie*, Warszawa, Mako Press, 1999, 60 s., ISBN 83-86203-56-0

ROUSSET, F.: 2007 *GENEPOP'007: a complete reimplementation of the GENEPOP software for Windows and Linux*. Mol. Ecol.

RUVINSKY, A, SAMPSON, J.: *The Genetics of the Dog*, New York, CABI Publishing, 2001, 564 s.

SAVOLAINEN, P., ZHANG, Y., LUO, J., LUNDEBERG, J., LEITNER, T.: *Genetic evidence for an east Asian origin of domestic dogs*, Science, Nov 22, 2002; 298; 5598; ProQuest Agriculture Journals, pg. 1610

SHELLING, C., GAILLARD, C., DOLF, G. *Genetic variability of seven dog breeds based on microsatellite markers*. J. Anim. Breed. Genet., 122 (Suppl. 1) 2005: 71 – 77.

TRUKSA, M., TRUKSOVÁ, I.: *Kavkazský ovčák*, České Budějovice, Dona, 1998, 104 s., ISBN 80-85463-95-4

VISSCHER, P., SMITH, D., HALL, S., WILLIAMS, J. (2001): *A viable herd of genetically uniform cattle*, Nature 409, s. 303,

VYSOCKIJ, V.: *Kavkazskije i aiatskije ovčarki i drugie volkodavy*, Doněck, Stalker, 2003, 350 s., ISBN 966-696-082-6

WACHTEL, H.: *Chov psů v roce 2000*, České Budějovice, Dona, 1998, 280 s., ISBN 80-86136-29-9

WAYNE, K., OSTRANDER, A.: *Origin, genetic diversity, and genome structure of the domestic dog*, BioEssays 21: 247-257, 1999.