## **logo-VÚLHM-velké-zelené**

 **Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i.**

**\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_**

**V rámci pověření Ministerstva zemědělství poskytuje Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v.v.i., expertní a poradenskou činnost v oboru ochrany lesa před škodami zvěří, harmonizace složek prostředí a rozvoje biodiverzity lesních ekosystémů, jakož i osvětu a realizuje informační kampaň pro vlastníky, nájemce, popř. podnájemce lesa a honiteb.**

## **Hybridizace populace divokých prasat v Evropě**

**Informace o stavu a poznání kontaminace genofondu černé zvěře – vybrané literární prameny.**

Při současném rozšíření metod genetických analýz v praxi se mohou dodavatelé zvěřiny divokých prasat a tedy na prvním stupni i myslivci, setkat s podezřením z dodávky úmyslně hybridizovaných jedinců, nebo dokonce smísením zvěřiny černé zvěře a masa domácího prasete.

**Celý problém je třeba posuzovat v historickém kontextu**

Prase je jedním z nejstarších domácích zvířat. V období 10 000 let před naším letopočtem počali neolitičtí lidé rozpoznávat výhodné vlastnosti prasat. Pokud se týká jejich míst domestikace a následného šíření domácích prasat, nemáme na tuto otázku prozatím uspokojivou odpověď, přestože existuje množství významných archeo-zoologických studií.

Obecně je známo, že dnešní potomci rodu Sus se vyskytovali v rozsáhlých oblastech Eurasie. Příslušníci čeledi Suidae však pochází z úzkého podélného pásu severní Afriky. *V Americe a Austrálii žádná divoká prasata nebyla.* *S postupem aklimatizace v různých prostředích vznikly u divokých prasat mnohé genetické rozdílnosti, které daly vznik mnoha sub-typům divokého prasete.* Dnes se počet sub-typů druhu Sus scrofa odhaduje na 36. Ty se od sebe liší tvarem lebky, velikostí a tvarem trupu, délkou, hustotou a barvou štětin, počtem struků, plodností i hmotností. V různých částech Evropy zůstávaly v raném a středním středověku četné populace primitivních prasat, typem odpovídající středozemnímu ostrouchému praseti pozdního typu s určitým, avšak neznámým podílem krve čínských prasat, a dále pozdního klapouchého prasete evropského, které má větší tělesný rámec a vyznačuje se klínovitou hlavou. (zdroj katedry.czu.cz/storage/3374\_Domestikace.docx)

**Hybridizace populací divokých prasat v Evropě**

#

#  Genom divokého prasete je hybridní, jedná se o mozaiku vytvořenou z biogeograficky oddělených a velmi rozdílných populací, jak uvádí Mosse M., a kol. (2014). Tentýž autor dále uvádí, že slučování populací po dlouhých obdobích izolace je běžným jevem jak přirozeně, tak i za přispění člověka. Genom takových kříženců pak tvoří mozaika různé historie a demografie. Prasata jsou skvělým modelovým druhem ke studiu hybridizace, protože evropská a asijská populace se oddělila, a prasata byla domestikována nezávisle na sobě v Evropě a Asii. Během průmyslové revoluce v Anglii byla prasata dovážena z Číny, aby vylepšila místní populace.

#  Křížení mezi evropskými a asijskými domestikovanými prasaty, stejně jako křížení domácích a divokých prasat, pak probíhá z různých důvodů až po současnost.

 V práci M. Fanga a kol. (2006) se uvádí, že divoká prasata ze západní Evropy mají karyotyp 2n = 36, naproti tomu divoká prasata ze střední Evropy a Asie mají karyotyp 2n = 38 a stejně tak i prasata domácí.

 Na současnou genetickou introgresi evropského prasete divokého, prasetem domácím bylo poukázáno již řadou studií, jak uvádí Goedbloed, D.J., a kol. (2012), kteří došli také k závěru, že introgrese severovýchodní evropské populace divokých prasat, prasaty domácími je novějším fenoménem, než se dříve očekávalo a také mnohem častějším. Alain C.F., a kol. (2013) použili relativně jednoduchý test k nalezení přítomnosti mitochondriálního DNA a alel zodpovídajících za barvu srsti u divokých prasat, pocházejících z prasete domácího u jedinců z Belgie, Lucemburku a západního Německa. Přestože téměř jedna třetina všech zkoumaných Lucemburských divokých prasat nesla asijské mitochondriální DNA haplotypy, pocházející z domácích prasat, metoda microsatellite-based clustering identifikovala v Lucemburku pouze čtyři domnělé křížence. Naproti tomu v Belgii metoda clustering identifikovala křížence ve většině zkoumaných lokalit. Tyto výsledky ukazují na nutnost použití více různých metod k pochopení toho, zda a jak křížení divokých a domácích prasat ovlivnilo genetickou stavbu divokých populací.

 Z uvedených citací je tedy zřejmé, že různý stupeň hybridizace středoevropských divokých prasat, různými plemeny domácích prasat (asijské, evropské) je v současné populaci spíše častější než výjimečná.

 Historicky docházelo k hybridizaci při volné pastvě domácích prasat, což probíhá například na Balkáně doposud. Také v posledních desetiletích, do střední Evropy dovážená, pastevním způsobem chovaná asijská (vietnamská prasata), se zřejmě kříží (cíleně i nekontrolovaně) s divokými prasaty. To však může platit i o evropských domácích plemenech, přesto že to zákon o myslivosti zakazuje. Skutečností však je, že hybridizace divokých a domácích prasat má svojí dlouhou historii a dříve byla dokonce realizována za účelem získání vysoce kvalitního masa hybridů pro hostiny šlechty. Typ domestikovaného prasete období středověku (viz obr.), svědčí o příbuznosti s divokým prasetem, ale také o pastevním chovu, při kterém docházelo ke kontaktu populací domácích a divokých forem prasat.



 O hybridizaci divokých a domácích prasat svědčí také občasné, recentní zástřely nestandardně zbarvených, strakatých divokých prasat.

**Závěr**

 Kontaminace genomu populace divokých prasat *(Sus scrofa)* různými plemeny prasat domácích *(Sus scrofa f. domestica)* je historicky i recentně je neoddiskutovatelná. Tato skutečnost může být závažná, nebo alespoň zajímavá, z hlediska ochrany genofondu, a managementu divokých populací. Zvěřina z divokých, ve volnosti ulovených prasat (dle příslušné dokumentace kusu-číslo plomby atd.), se standardním exteriérem druhu doporučujeme považovat za zvěřinu prasete divokého, bez ohledu na eventuální laboratorně signalizovanou hybridizaci, která zřejmě není u divokých prasat ve volnosti ojedinělá., zvláště když v současnosti není stanovena limitní úroveň této hybridizace pro chov divokých populací.

**Terminologie**

DNA / deoxynukleová kyselina nositelka genetické informace

genom / veškerá genetická informace uložená v DNA konkrétního organizmu

genofond / soubor všech alel všech jedinců dané populace

hybridizace / křížení

karyotyp / soubor všech chromozomů v jádře buňky

**Použitá literatura**

Alain C. Frantz, Frank E. Zachos, Julia Kirschning, Sandra Cellina, Sabine Bertouille, Zissis Mamuris, Evagelia A. Koutsogiannouli, Terry Burke (2013): Genetic evidence for introgression between domestic pigs and wild boars (Sus scrofa) in Belgium and Luxembourg: a comparative approach with multiple marker systems. Biological Journal of the Linnean Society, 110: 104-115.

# Alexandri P., Triantafyllidis A., Papakostas S., Chatzinikos E., Platis P., Papageorgiou N., Larson G., Abatzopoulos TJ., Triantaphyllidis C. (2012): The Balkans and the colonization of

# Europe: the post-glacial range expansion of the wild boar, Sus scrofa. Journal of Biogeography, 39: 713-723.

# Alves E., Ovilo C., Rodrigues MC., Silio L (2003): Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. Animal Genetics, 34: 319-324.

Goedbloed,d., J., Megens, H., J.,P., Van Hooftvan, Herrero-Medrano, J., M., Lutz, W., Alexandri, P., Crooijmans, R., P., Groenen, M., Van Wieren, Ydenberg, R., C., Prins , H., H., T., (2012): Genome-wide single nucleotide polymorphism analysis reveals recent genetic introgression from domestic pigs into Northwest European wild boar populations. Molecular Ecology, 22: 856-866.

M. Fang, F. Berg, A. Ducos, L. Andersson (2006): Mitochondrial haplotypes of European wild boars with 2n = 36 are closely related to those of European domestic pigs with 2n = 38. Animal Genetics, 37: 459-464.

# Mosse M., Megens HJ., Madsen O., Frantz LAF., Paudel Y., Crooijmans RPMA., Groenen MAM (2014): Untangling the hybrid nature of modern pig genomes: a mosaic derived from biogeographically distinct and highly divergent Sus scrofa populations. Molecular Ecology, 23: 4089-4102.

# Praha 1.10.2016 Ing.František Havránek, CSc.

#  vedoucí útvaru myslivosti

# tel.: 605 264 633

# e-mail: fhavranek@centrum.cz

#