



Svaz chovatelů ovcí a koz z.s.
e-mail: info@schok.cz
www.schok.cz

Plemenné knihy ovcí
Malhostovice, část Zlobice ev. č. 55
666 03 Malhostovice
e-mail: pkovce@schok.cz

Plemenné knihy koz
Chovatelů 500
252 09 Hradištko
e-mail: pkkoz@schok.cz

V Hradištku dne 20. 5. 2025

Vážení chovatelé,

jménem Předsednictva Svazu chovatelů ovcí a koz musím reagovat na nabídku, kterou vám rozeslal SVÚ Jihlava.

Ve Zpravodaji č. 4/2024 jsme vás informovali, že Ministerstvo zemědělství a SVS rozhodly, že od 1. 1. 2025 v rámci Metodiky kontroly zdraví bude ukončeno státem hrazené ověřování původu (parentita) beranů.

Již v roce 2023 jsme se rozhodli, že přejdeme u ovcí a koz na ověřování původu zvířat metodou využívající mikroarray platform DNA čipů (SNP), což bude do budoucna využito na přechod pro stanovení genomické plemenné hodnoty zvířat. Podařilo se na MZe vyjednat v rámci Zásad Národních dotací pro stanovování genomické plemenné hodnoty dotační tituly, z čehož bude toto zjišťování hrazeno (70 % nákladů na analýzu jednoho zvířete). Chovatel si bude doplácet 352,50 Kč bez DPH za jedno analyzované zvíře.

V roce 2024 jsme začali sbírat vzorky DNA koz a ověřovat původy kozlů přes metodu SNP.

Od roku 2025 jsme přešli na sběr vzorků DNA i u ovcí a ověřovat původy beranů přes metodu SNP. Tyto postupy zjišťování DNA u ovcí a koz metodou SNP byly schválené Spolkovou radou a Radou plemenných knih ovcí a byly zapracované do všech šlechtitelských programů všech plemen ovcí a jsou schválené MZe.

Ze zjištěných výsledků DNA zvířat touto metodou budeme schopni využít zvířata s lepšími geny, které ovlivňují jejich užitkovost (např. kapka kaseiny v mléce) a také eliminovat dědičné vady, jako například hermafroditismus, náchylnost k onemocněním, exteriérové vady. Výhoda bude také ke zrychlené identifikaci rodičů, kdy může dojít k záměně v připarování nebo porodech. Podmínka je však ta, že u zvířat musí být odebrán a zpracován vzorek DNA touto metodou. Za toto opravné zjištění již navíc platit nebudete.

Toto jsou důvody, proč nemůžeme využívat služby SVU Jihlava, která analýzy provádí metodou STR, což je starší metoda, kde zjištěné výsledky nelze použít pro tyto potřeby a pro budoucí výpočty genomické plemenné hodnoty.

Rozdíl mezi těmito metodami je popsán Doc. Ing. Kučerou, PhD.

Ing. Richard Konrád
předseda Předsednictva SCHOK

Vážení chovatelé,

v návaznosti na aktuální nabídku konkurenčních pracovišť ve věci ověřování původů ovcí si dovoluji zaslat několik podstatných informací.

Svaz chovatelů ovcí a koz se rozhodl již koncem roku 2023 o co nejrychlejším přechodu od ověřování původů zvířat ze zastaralých metod testování mikrosatelitů (STR) na aktuálně nejpreciznější metody využívající mikroarray platform (DNA čipů), tzv. jednonukleotidových polymorfismů (z anglického single nucleotide polymorphism – SNP. Z pohledu Svazu je tento krok nezbytný pro udržení konkurenceschopnosti Vás, chovatelů ovcí a koz, protože SNP metody jsou dnes využívány u všech druhů hospodářských zvířat. **SNP** je modernější, stabilnější a lépe škálovatelná technologie, ideální pro **šlechtění a systematické testování původu** (zejména ve spojení s ISAG panely).

Mezi hlavní důvod pro zvolený přechod k technologii patří:

- Přesnější výsledky ověření původu (větší schopnost vyloučit nesprávného rodiče)
- Možnost automatizace vyhledání rodičů z databází
- Rutinní (robotizované) zpracování
- Nižší cena
- Možnost stanovení SNP pro užitkovost, exteriér a zdraví – vše v jednom testu - např. Scrapie, ale i mnoho dalších markerů (FecX, NCL, DGAT-1, MSTN, ASS1, Yellow fat....)
- Součást plánu Svazu chovatelů ovcí a koz využít co nejrychleji SNP data pro odhad genomických plemenných hodnot
- Vyvinuta uživatelsky snadná mobilní aplikace pro zadávání vzorků (snižuje možnost chybových údajů)

Laboratoř iGenetiky Českomoravské společnosti chovatelů, a.s., která pro nás tuto službu zajišťuje, patří k předním světovým pracovištím v tomto oboru, přirozeně s certifikací ISAG pro SNP metody u ovcí a koz.

Pro Vaši lepší představu přikládám, co říká umělá inteligence o porovnání metod SNP a STR:

Základní rozdíl mezi SNP a STR

Vlastnost	SNP (Single Nucleotide Polymorphism)	STR (Short Tandem Repeat)
Co zkoumá	Změnu v jediném nukleotidu (např. A → G)	Opakování krátkých sekvencí (např. "GATA" × 5)
Velikost variability	Nízká (dvě možné alely: např. A nebo G)	Vysoká (různý počet opakování)
Výskyt v genomu	Velmi časté (miliony SNP v genomu)	Méně časté
Stabilita	Velmi stabilní, málo mutací	Vyšší mutační frekvence
Použití	Populační studie, identifikace nemocí, ancestry	Forenzní analýza, test otcovství

Výhody SNP technologie

1. Vysoká stabilita

- SNP jsou méně náchylné k mutacím → výsledky jsou přesnější a dlouhodobě stabilní.

2. Vhodné pro analýzu velkých populací

- Lze jich analyzovat statisíce najednou (např. pomocí čipů) → ideální pro genomové asociace (např. GWAS).

3. Přesné mapování genetických predispozic

- SNP se často používají ke zjištění genetických rizik pro různé choroby (např. Alzheimer, rakovina).

4. **Lépe použitelné pro určení etnického původu**

- Umožňují jemné rozlišení mezi různými geografickými populacemi.

5. **Automatizace a vysoký výkon**

- SNP analýza je snadno škálovatelná a vhodná pro automatizované systémy (např. genotypovací čipy nebo sekvenování).

Kdy použít STR místo SNP?

- **Forenzní genetika:** STR mají vyšší variabilitu → umožňují rozlišit jednotlivce (např. v kriminalistice nebo testech otcovství).
- **Kratší čas:** pro menší rozsah analýz jsou STR rychlejší a levnější.

Shrnutí:

- **SNP** = jemná, stabilní a vysoce škálovatelná technologie vhodná pro medicínu, genetický výzkum a ancestry testy.
- **STR** = velmi variabilní metoda vhodná pro identifikaci jednotlivců.

Za ČMSCH

Doc. Ing. Josef Kučera, Ph.D.

výkonný místopředseda Představenstva společnosti