
Uwarunkowania utrzymania **DOBROSTANU** zwierząt w Polsce

pod redakcją
Wojciecha Truskowskiego



Zróżnicowanie populacji kundli (*Canis lupus familiaris* L.) w Trójmieście

Diversity of mongrel's population (*Canis lupus familiaris* L.) in the Tri-City

Mateusz Paweł Kaszubski
Małgorzata Karolina Sakowicz

Uniwersytet Gdański
Wydział Biologii
Studenckie Naukowe Koło Genetyczne
Opiekun: dr Barbara Wojtasik

Abstract

The domestic dog (*Canis lupus familiaris* L.) is considered to be distinct species or subspecies of the wolf. The domestic dog within the species has been divided into many groups, including representatives of the species, characterized by specific traits, which is referred to as dog breeds. Apart from pure-breed dog obtained through planned selection and crossing, there is a group of dogs known as non-pure-breed dogs, including cross-breeds, mixed breeds and mongrels.

The mongrels, as a breed of dogs, do not exhibit the typical features of the described breeds, created by man, moreover they have a characteristic long muzzle and no crowding of teeth is observed. Currently, there are no literature data that treat mongrel as a separate dog breed and describe and analyze mongrel's populations.

The aim of the work was to estimate the population genetic diversity of mongrels (*Canis lupus familiaris* L.) in the Tri-City based on the observation of phenotypes of specimens residing in animal's shelters.

During the study, features such as: size, coat color and fur were analyzed. Analyzing the phenotypic data on the basis of which the genotypes of mongrels staying in shelters were determined, it was shown that the population of mongrels is characterized by a high phenotypic/genotypic biodiversity.

Keywords: domestic dogs, mixed-breed dogs, mongrels, genetic diversity

Wstęp

Pies domowy (*Canis lupus familiaris* L.), uznawany jest za odrębny gatunek lub podgatunek wilka szarego (Wang i Tedford 2008), od którego w dobie ewolucji, odłączył się na obszarze Azji Wschodniej (Pilot i in. 2015). Szacuje się, że udomowienie psa miało miejsce około 12-17 tysięcy lat temu (Fabio i in. 2005). Pies domowy w obrębie gatunku został podzielony na wiele grup obejmujących przedstawicieli gatunku, charakteryzujących się określonymi cechami, co określono mianem rasy (FCI breeds nomenclature, Systematyka ras FCI z uwzględnieniem polskiego nazewnictwa ras). Obok psów rasowych uzyskanych na

drodze planowanego selekcjonowania i krzyżowania, istnieje grupa psów określana jako psy nierasowe, wśród nich mieszańce i kundle. Psy nierasowe nie posiadają cech charakterystycznych dla rasy, przy czym mieszańce to potomkowie psów różnych ras, a kundle krzyżują się na drodze doboru naturalnego. Mylnie używa się pojęcia kundel i mieszaniec jako synonimów.

Podczas prowadzenia badań nad pochodzeniem ewolucyjnym psów (Pilot i in. 2015) zaobserwowano, że kundle wykazują jednorodność genotypową i są genetycznie odmienne od psów czystorasowych (Pilot i in. 2016), wskutek czego kundle można sklasyfikować jako odrębną rasę psa, posiadającą charakterystyczne cechy, która jest najbliższej spokrewniona z praprzodkiem psa domowego (Pilot i in. 2015; Pilot i in. 2016). Kundle jako rasa psów, nie wykazują wyeksponowania cech typowych dla opisanych ras, ponadto mają charakterystycznie długi pysk i nie obserwuje się u nich stłoczenia zębów. Obserwując kundle można je sklasyfikować według trzech wielkości: małej, średniej i dużej, przy czym ich rozpiętość jest węższa niż w obrębie wszystkich ras.

Obecna światowa populacja psów liczy około 1 miliarda, z czego trzy czwarte stanowią psy określane mianem kudli (Pilot i in. 2015), czyli takie, które rozmnażają się na drodze doboru losowego i selekcji, która eliminuje osobniki słabe i nieprzystosowane do środowiska oraz jego zmian (Pilot i in. 2016). Aktualnie brak jest danych literaturowych, które traktują kundla jako oddzielną rasę psa oraz opisują i analizują populacje kudli, co skłoniło Autorów do zgłębienia zagadnienia. Poznanie zróżnicowania w obrębie tej grupy psów, pozwoli pełniej zrozumieć gatunek i jego status.

Tabela 1. Analizowane cechy fenotypowe i genotypy *Canis lupus familiaris*

Locus	Genotyp	Cecha fenotypowa	Dziedziczenie
K	K^B_-	dominująca czerń (jednolita czerń, brak czerwieni).	allele wielokrotne $K^B > k^{br} > k^y$
	k^{br}_-	pręgowany (czarne pasy dodane do obszarów jasnobrązowych)	
	$k^y k^y$	brak czarnej, dominującej barwy	
A	A^y_-	płowy lub sable	allele wielokrotne $A^y > a^w > a^t > a$
	a^w_-	agouty typu dzikiego - wilczy sable	
	a^t_-	punkt garbowania	

	a ^a	recesywny czarny	
B	B ₋	kolor czarny	dominacja zupełna
	bb	rozjaśnienie koloru czarnego do brązowego	
D	D	kolor nasycony	dominacja zupełna
	dd	kolor rozcieńczony (czarny do niebieskiego; brązowy do lilak)	
E	E ^m ₋	ciemna maska na pysku biegnąca wzdłuż ciała	allele wielokrotne E ^m > E ^g > E > e
	E ^g ₋	grizzle („opalenizna ka karku”), ciemny kark	
	E ₋	rozłożenie pigmentu zależne od innych loci	
	ee	ograniczenie występowania ciemnego pigmentu	
M	MM	Sierść zupełnie biała z niewielkimi pigmentowanymi plamami	dominacja niezupełna
	Mm	umaszczenie marmurkowe	
	mm	normalna pełna pigmentacja	
C	C ₋	pełny kolor	allele wielokrotne C > c ^{ch} > c ^e > c ^b > c ^a
	c ^{ch} ₋	kolor typ „szynszyl”	
	c ^e ₋	ekstremalne rozcieńczenie	
	c ^b ₋	niebieskookie albinosy / Platinum	
	c ^a c ^a	pełny albinos	
S	SS	brak białego koloru	dominacja niezupełna
	Ss	mniej niż 50% białych plam	
	ss	więcej niż 50% białych plam	
L	LL	krótki włos	dominacja niezupełna
	Ll	średni włos	
	ll	długi włos	
R	RR	prosty włos	dominacja niezupełna
	Rr	włos falisty	
	rr	włos kręcony	

Źródło: Opracowanie własne; na podstawie: Baranowska-Körberg i in. 2014; Cadieu i in. 2009; Candille i in. 2007; Cargill i in. 2005; Clark i in. 2006; Dreger i Schmutz 2010; Dreger i in. 2013; Housley i Venta 2006; Kerns i in. 2003; Kerns i in. 2007; Metallinos i Rine 2000; Philipp i in. 2005; Schmutz i in. 2002; Schmutz i in. 2003; Schmutz i Berryere 2007; Schmutz i in. 2009; Schmutz i Dreger 2014; Welle i in. 2009; Wijesena i Schmutz 2015; Winkler i in. 2014; Wong i in. 2013.

Celem pracy było poznanie zróżnicowania genetyczno-populacyjnego kundli (*Canis lupus familiaris* L.) w Trójmieście, bazując na obserwacji fenotypów osobników przebywających w schroniskach.

Metodyka

Obiektem badań była populacja kundli (*Canis lupus familiaris* L.) na terenie Trójmiasta. Badano różnorodność fenotypową i genotypową psów, przebywających w schroniskach dla zwierząt: OTOZ Animals Schronisko dla Bezdomnych Zwierząt „Ciapkowo” w Gdyni, Schronisko dla bezdomnych zwierząt „Promyk” w Gdańsku, Schronisko dla bezdomnych zwierząt „Sopotkowo” w Sopocie oraz fundacji “Pies szuka domu”.

W badaniach wykorzystano zdjęcia umieszczone w witrynach internetowych schronisk dla zwierząt, do analizy wybrano osobniki nieposiadające cech innych ras psów. Zdjęcia obejmowały osobniki przebywające w schroniskach od roku 2016. Na podstawie fenotypów oznaczono genotypy według tabeli 1. Badane osobniki sklasyfikowano pod względem skali wielkości osobnika: mały (odpowiadający wielkości psa rasy mops), średni (odpowiadający wielkości psa rasy cocker spaniel angielski), duży (odpowiadający wielkości psa rasy owczarek niemiecki).

Tabela 2.: Zestawienie obserwowanych fenotypów z odpowiadającymi im genotypami

Genotyp	Fenotyp	Liczba obserwacji
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Średni pies, czarny z plamami brązowymi, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty	6
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Mały pies, czarny z plamami brązowymi, włos krótki, prosty	1
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; Ll; RR$	Średni pies, czarny z plamami brązowymi, z nielicznymi białymi plamami, włos średni, prosty	2
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Duży pies, czarny z plamami brązowymi, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty	1
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Średni pies, czarny z plamami brązowymi, włos krótki, prosty	3
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Duży pies, czarny z plamami brązowymi, włos krótki, prosty	4
$k^y k^y; A^y _ ; bb; D _ ; E _ ; mm; c^e _ ; Ss; Ll; Rr$	Mały pies, sable, z nielicznymi białymi plamami, włos średni, falowany	1

$k^y k^y; A^y _ ; bb; D _ ; E _ ; mm; c^e _ ; Ss; LL; RR$	Średni pies, sable, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty	1
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Średni pies, czarny, z nielicznymi białymi łatami, włos krótki, prosty	5
$k^y k^y; a^t _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Mały pies, czarny z plamami brązowymi, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty	3
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Duży pies, czarny, włos krótki, prosty	1
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; cch _ ; Ss; LL; RR$	Duży pies, kolor typu „szynszyl”, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty	8
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Mały pies, czarny, z nielicznymi białymi łatami, włos krótki, prosty	2
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; cch _ ; SS; ll; RR$	Średni pies, kolor typu „szynszyl”, włos długi, prosty	1
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; cch _ ; Ss; LL; RR$	Średni pies, kolor typu „szynszyl”, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty	2
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; cch _ ; SS; LL; RR$	Średni pies, kolor typu „szynszyl”, włos krótki, prosty	2
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Duży, agouty wild, włos krótki, prosty	2
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Średni, agouty wild, włos krótki, prosty	2
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; Mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Średni pies, czarny, z nielicznymi białymi łatami, marmurkowy; włos krótki, prosty	1
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Duży pies, czarny, z nielicznymi białymi łatami, włos krótki, prosty	3
$k^y k^y; A^y _ ; B _ ; D _ ; Eg _ ; mm; C _ ; SS; LL; RR$	Średni, sable, czarna „opalenizna” na karku, włos krótki, prosty	2
$k^y k^y; A^y _ ; B _ ; D _ ; Eg _ ; mm; C _ ; SS; Ll; RR$	Duży, sable, czarna „opalenizna” na karku, włos średni, prosty	1
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; Mm; C _ ; ss; ll; RR$	Średni pies, czarny, z licznymi białymi łatami, marmurkowy; włos długi, prosty	1
$k^y k^y; a^w _ ; B _ ; D _ ; E _ ; mm; C _ ; Ss; LL; RR$	Średni, agouty wild, z nielicznymi białymi łatami, włos krótki, prosty	2
$K^B _ ; B _ ; D _ ; E _ ; Mm; C _ ; ss; Ll; RR$	Duży pies, czarny, z licznymi białymi łatami, marmurkowy; włos średni, prosty	1

Źródło: Opracowanie własne.

W celu określenia genotypów wykorzystano następujące materiały: Baranowska-Körberg i in. 2014, Cadieu i in. 2009, Candille i in. 2007, Cargill i in. 2005, Clark i in. 2006, Dreger, Schmutz 2010, Dreger i in. 2013, Housley, Venta 2006, Kerns i in. 2003, Kerns i in. 2007, Metallinos, Rine 2000, Philipp i in. 2005, Schmutz i in. 2002, Schmutz i in. 2003, Schmutz, Berryere 2007, Schmutz i in. 2009, Schmutz, Dreger 2014, Welle i in. 2009, Wijesena, Schmutz 2015, Winkler i in. 2014, Wong i in. 2013.

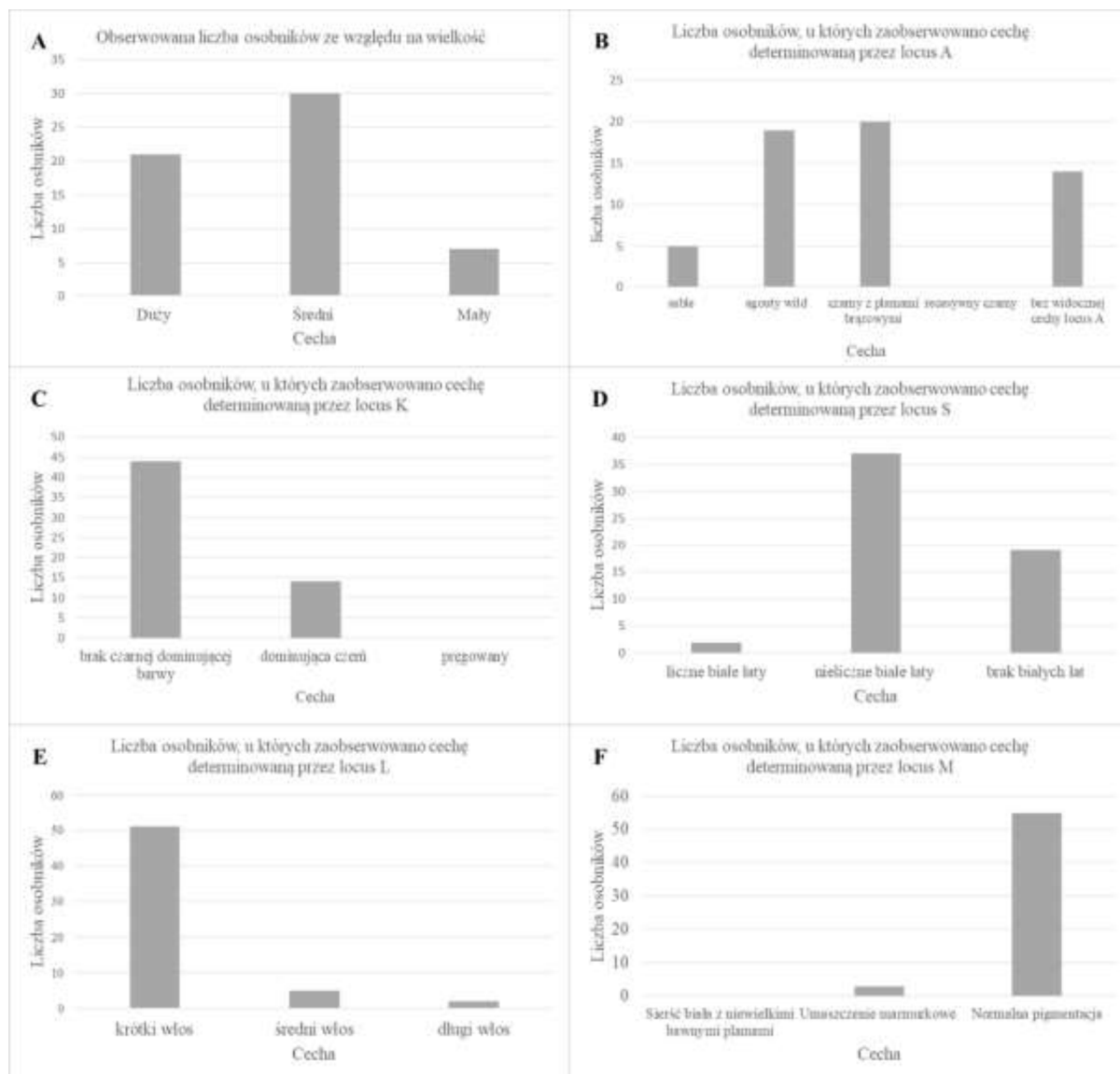
Wyniki

Otrzymane wyniki analizowano na podstawie częstości występowania cech fenotypowych oraz alleli determinujących dane cechy. Otrzymane wyniki zamieszczono w tabeli 2. W analizowanych schroniskach zaobserwowano 58 osobników rasy kundel, które wykazywały dużą różnorodność fenotypową (25 różnych fenotypów). Wśród nich znalazło się 21 dużych osobników, 30 średnich oraz 7 małych (Rys. 1.A). Najliczniej reprezentowane fenotypy to: duży pies, maść szynszylowa, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty (8 osobników) oraz średni pies, czarny z plamami brązowymi, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty (6 osobników), a także średni pies, czarny, z nielicznymi białymi łatami, włos krótki, prosty (5 osobników). W przypadku pozostałych fenotypów obserwowano 1-3 osobników.

Badaną populację tworzyły osobniki zaobserwowane w schroniskach dla zwierząt: OTOZ Animals Schronisko dla Bezdomnych Zwierząt „Ciapkowo” w Gdyni (25 osobników), Schronisko dla bezdomnych zwierząt „Promyk” w Gdańsku (26 osobników), Schronisko dla bezdomnych zwierząt „Sopotkowo” w Sopocie (3 osobniki) oraz fundacji “Pies szuka domu” (4 osobniki).

Mimo wysokiej liczby obserwowanych klas fenotypowych/fenotypów, frekwencja alleli genów determinująca cechy poszczególnych osobników, jest niska. Cech determinowanych przez niektóre allele, nie zaobserwowano - allel k^{br} w locus K, warunkujący pręgowanie (czarne pasy dodane do obszarów jasnobrązowych) oraz allel a w locus A, determinujący recesywną czerń. Nie zaobserwowano także genotypu MM, odpowiadającego za wystąpienie sierści zupełnie białej z niewielkimi pigmentowanymi plamami.

Rysunek 1. Liczba osobników, u których zaobserwowano cechy determinowane przez wybrane loci genowe



Źródło: Opracowanie własne.

W przypadku locus A (Rys. 1.B) najliczniej reprezentowaną cechą było umaszczenie “czarny z brązowymi plamami” (allel a^b), zaobserwowano ją u 20 osobników, w przypadku 14 osobników nie odnotowano cechy determinowanej przez to locus. Zarejestrowano 19 osobników o umaszczeniu “agouty wild” (allel a^w) oraz 5 “sable” (allel A^y). Nie zaobserwowano “recesywnej czerni” determinowanej przez allel a w układzie homozygotycznym recesywnym (aa).

Odnotowano jedynie dwie z trzech cech determinowanych przez locus K (Rys. 1.C). Najliczniej reprezentowana była cecha determinowana przez recesywny allel k^y - 44 osobniki, natomiast 14 osobników zaobserwowano w przypadku allelu dominującej czerni K^B .

Locus S determinuje pokrycie sierści białymi łatami (Rys. 1.D), odnotowano 37 osobników z nielicznymi białymi łatami (heterozygoty - Ss), 19 bez białych łat (homozygoty dominujące SS), natomiast u 2 osobników zaobserwowano liczne białe łaty (homozygoty recesywne ss).

W przypadku locus L (Rys. 1.E), najczęściej obserwowano osobniki o krótkim włosie (homozygoty dominujące - LL) - 51 osobników, odnotowano jedynie 5 osobników o średniej długości włosa (heterozygoty - Ll) i 2 o długim włosie (homozygoty recesywne - ll).

Najczęściej obserwowaną cechą determinowaną przez locus M (Rys. 1.F) była normalna pigmentacja, genotyp mm – 55 osobników, ubarwienie marmurkowe (genotyp Mm) obserwowano jedynie u 3 osobników. Wśród badanych psów nie zaobserwowano sierści zupełnie białej z niewielkimi barwnymi plamami, występującej u homozygot dominujących (MM).

Zaobserwowano 55 osobników z allelem E w locus genowym E, odpowiadającym za „umaszczenie zależnie od innych loci”, natomiast pozostałe 3 osobniki posiadały allel E^g , determinujący wystąpienie „opalenizny na karku”.

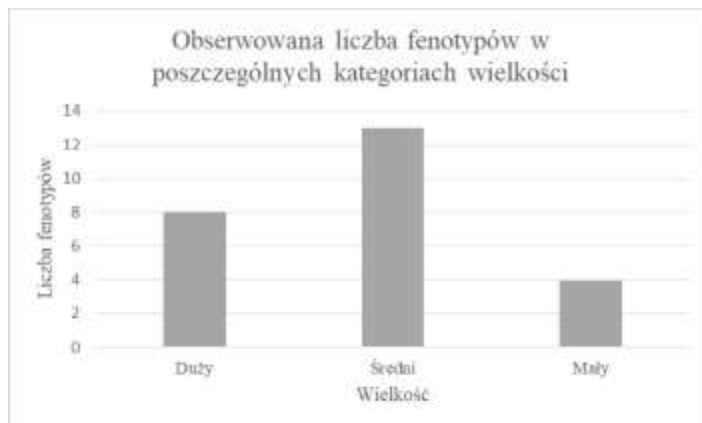
U wszystkich badanych osobników w locus D obserwowano jedynie cechę determinowaną przez dominujący allel D, warunkujący kolor nasycony. Nie zaobserwowano osobników o kolorze rozcieńczonym (czarny do niebieskiego; brązowy do lilak) - homozygoty recesywne (dd).

Wystąpienie pełnego koloru czarnego, determinowanego przez allel dominujący B w locus genowym B, obserwowano u 56 osobników, natomiast rozjaśnienie koloru czarnego do brązowego (homozygoty recesywne - bb) u 2 psów.

Wśród cech determinowanych przez geny w locus C, najczęściej obserwowane było wystąpienie pełnego koloru - u 43 osobników, które jest warunkowane przez najsilniejszy spośród alleli wielokrotnych - allel C. Drugim pod względem liczebności obserwacji było umaszczenie typu „szynszyl”, którego ujawnienie zależne jest od allelu c^{ch} - reprezentowane przez 13 psów. Mało licznie obserwowaną cechą było „ekstremalne rozcieńczenie” barwy sierści, które wystąpiło jedynie u 2 osobników. Cechy determinowane przez allele c^e , c^b oraz układ homozygotyczny $c^a c^a$ nie były obserwowane w badanej grupie zwierząt.

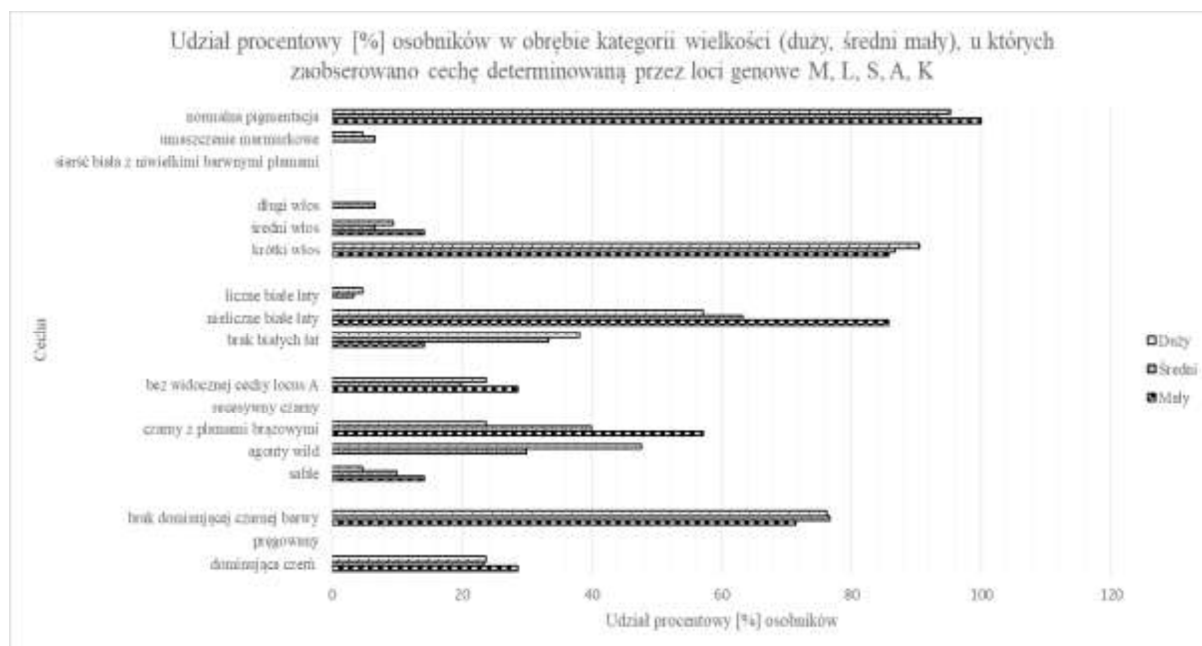
Cechą dominującą, warunkowaną układem homozygotycznym dominującym (RR) w locus genowym R, obserwowaną u badanych kundli, był włos prosty, który wystąpił u 57 osobników. Włos falisty, uwidoczniiony u heterozygot (Rr), pojawił się jedynie u 1 psa. Układ homozygotyczny recesywny (rr), determinujący wystąpienie włosa kręconego, nie był obserwowany.

Rysunek 2. Liczba fenotypów zaobserwowanych w poszczególnych kategoriach wielkości



Źródło: Opracowanie własne.

Rysunek 3. Udział procentowy [%] osobników w obrębie trzech kategorii wielkości, u których zaobserwowano cechy determinowane przez loci genowe M, L, S, A, K



Źródło: Opracowanie własne.

W obrębie poszczególnych kategorii wielkości, zaobserwowano różną liczbę fenotypów (Rys. 2), przy czym największą w grupie psów średnich (13). Porównując cechy determinowane przez loci genowe M, A, K u trzech grup kundli (Rys. 3), zaobserwowano niską różnorodność fenotypową/genotypową między grupami. Pojawienie się cech odstających między grupami odnotowano dla locus L (Rys. 3), gdyż tylko u psów średnich występował długi włos (6,67% obserwacji), pozostałe cechy pojawiały się z podobną częstością oraz locus S (Rys. 3), gdzie zaobserwowano liczne białe łaty jedynie u psów dużych (3,33% obserwacji) i średnich (4,76%), nieliczne białe łaty w umaszczeniu dominowały u psów małych (85,71% obserwacji).

Dyskusja

Przebadano 58 osobników psa rasy kundel, reprezentujących 25 różnych fenotypów. Największe różnice wynikały z wielkości badanych psów, jednak klasy wielkości obserwowane u kundli, nie są tak odległe od siebie jak w przypadku znanych ras psów. Wysoką różnorodność można również zaobserwować w przypadku cech determinowanych genami w locus A, przy czym umaszczenie "sable", warunkowane przez najsilniejszy allel wśród alleli wielokrotnych plasuje się na niskim poziomie. Z kolei cecha, "recesywna czerń", determinowana przez układ homozygotyczny aa, najsłabszego allelu wielokrotnego w locus A, nie była w ogóle obserwowana. W loci genowych B oraz D, dominowała jedna cecha determinowana przez allel dominujący, co może świadczyć o wysokiej frekwencji tych alleli dominujących w badanej populacji. W przypadku loci genowych M, L oraz R, dominowała jedna cecha determinowana przez układ homozygotyczny, który dla pierwszego locus był układem recesywnym a dla dwu pozostałych loci, układem dominującym. Takie wyniki sugerują, że w populacji kundli poddanej analizie, wysoką częstością występowania, charakteryzują się allele recesywne w locus M oraz dominujące w loci L i R.

Nie wszystkie allele wielokrotne, które występują u psa domowego, ujawniły się u kundli, m.in. allele z loci K i E.

Na różnorodność genotypową wskazują allele wielokrotne w locus K. Zaobserwowano najsilniejszy z alleli K^B oraz najsłabszy k^y , przy czym jedynie u 14 osobników, odnotowano dominującą cechę. Allel k^y jest częściej występującym w puli genowej badanej populacji w przeciwieństwie do allelu dominującego.

Nie zaobserwowano również wszystkich alleli wielokrotnych występujących w locus E. W przypadku tego locus nie zaobserwowano cech determinowanych przez loci E^m oraz e.

Badana populacja była dość jednorodna pod względem cech warunkowanych tym locus, ponieważ dominowała cecha determinowana przez allel E, czyli umaszczenie zależne od innych loci.

Analizowano 32 allele w 10 loci. Nie odnotowano cech determinowanych przez 9 alleli (w tym dominujących), natomiast cechy determinowane przez 9 alleli, obserwowano u nielicznych kundli, co stanowi ponad połowę analizowanych alleli.

Analizując różnice między trzema grupami w obrębie populacji, zaobserwowano wysoką różnorodność fenotypową/genotypową. Największą liczbę różnych fenotypów zaobserwowano u psów średniej wielkości. Porównując częstość występowania cech determinowanych przez loci genowe M, L, S, A, K, zaobserwowano, że większość spośród nich występuje z podobną częstością, przy pojawieniu się kilku cech odstających.

Wysoka różnorodność fenotypowa/genotypowa w obrębie całej populacji oraz trzech kategorii wielkości, może wynikać z faktu, że kundle rozmnażają się zgodnie z zasadą doboru losowego, co powoduje swobodny przepływ genów, które współdziałając, prowadzą do powstawania różnych kombinacji cech. Z uwagi na ogromną pulę genową, mieszaninę genów, badana populacja kundli cechuje się wysoką bioróżnorodnością.

Dalsze badania populacji kundli, pozwolą pełniej zobrazować charakterystykę gatunku, a tym samym umożliwią ochronę cech tych psów i przedsięwzięcie działań umożliwiających utrzymanie ich w środowisku. Zaniechanie badań może prowadzić do zatarcia wyraźnych cech kundli, tym samym prowadząc do utraty wartościowego elementu świata ożywionego, który jest najbliższej spokrewniony z przodkiem psa domowego.

Podsumowanie

Przeanalizowana populacja kundli w schroniskach w Trójmieście wykazała się bardzo dużym zróżnicowaniem fenotypowym/genotypowym. Można ją było pogrupować w trzech kategoriach wielkości: małe, średnie, duże. Różnorodność fenotypowa/genotypowa w obrębie trzech kategorii wielkości, jest niemal tożsama do różnorodności całej populacji. Najbardziej zróżnicowaną grupą były psy średnie, u których zaobserwowano 13 różnych fenotypów.

Najliczniej reprezentowane fenotypy to: duży pies, maść szynszylowa, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty (8 osobników), średni pies, czarny z plamami brązowymi, z nielicznymi białymi plamami, włos krótki, prosty (6 osobników) i średni pies, czarny, z nielicznymi białymi łatami, włos krótki, prosty (5 osobników). Najwięcej osobników zaobserwowano w grupie psów średnich (30) a najmniej małych (7).