Populácia – súbor jedincov rovnakého druhu, obývajúcich konkrétny biotop v konkrétnom čase, ktorí sú schopní sa navzájom medzi sebou krížiť.

Vlastnosti populácie : nominálna veľkosť (cenzus), hustota, dynamika vývoja, štruktúra, rozptyl atď.

Z genetického hľadiska sú jej základnými vlastnosťami

efektívna veľkosť, závisiaca nielen od početnosti (nominálnej veľkosti) populácie, ale aj od miery, v akej sa jedinci populácie podieľajú na jej reprodukcii,

systém reprodukcie, t.j.spôsob odovzdávania genetickej informácie z jednej generácie na nasledujúcu.

Systém reprodukcie

panmixia – úplne náhodné párovanie, pri ktorom pravdepodobnosť spojenia ktorýchkoľvek dvoch gamét je nezávislá od ich pôvodu a ich genotypu

výberové párovanie – partner je vyberaný nie náhodne, ale na základe konkrétnych kritérií. Najbežnejším prípadom je výber na základe príbuznosti, teda **príbuzenské kríženie (inbreeding)**, ktorého extrémnym prípadom je **autogamia** (v populácii dochádza výlučne k samooplodneniu)

Efektívna veľkosť populácie
odvodzuje sa od relatívneho podielu jedincov populácie na reprodukcii

dve zložky
- ideálna populácia (panmiktická)
- merateľný parameter viazaný na nejaký genetický jav alebo proces(spravidla inbreeding alebo genetický drift)

Aká veľká by bola ideálna populácia, ak by dosahovala rovnakú hodnotu parametra, aká bola pozorovaná v reálnej populácii?

V ideálnej náhodne sa párujúcej (=panmiktickej) populácii bez selekcie, mutácií a migrácie:

$N_e = N_c$ (cenzus)

Dôvody odchýliek od panmixie:

- nerovnomerné zastúpenie pohlaví
- nerovnomerná plodnosť
- nesynchrónne kvitnutie
- nenáhodné priestorové rozdelenie genotypov (priestorové zhlukovanie príbuzných)

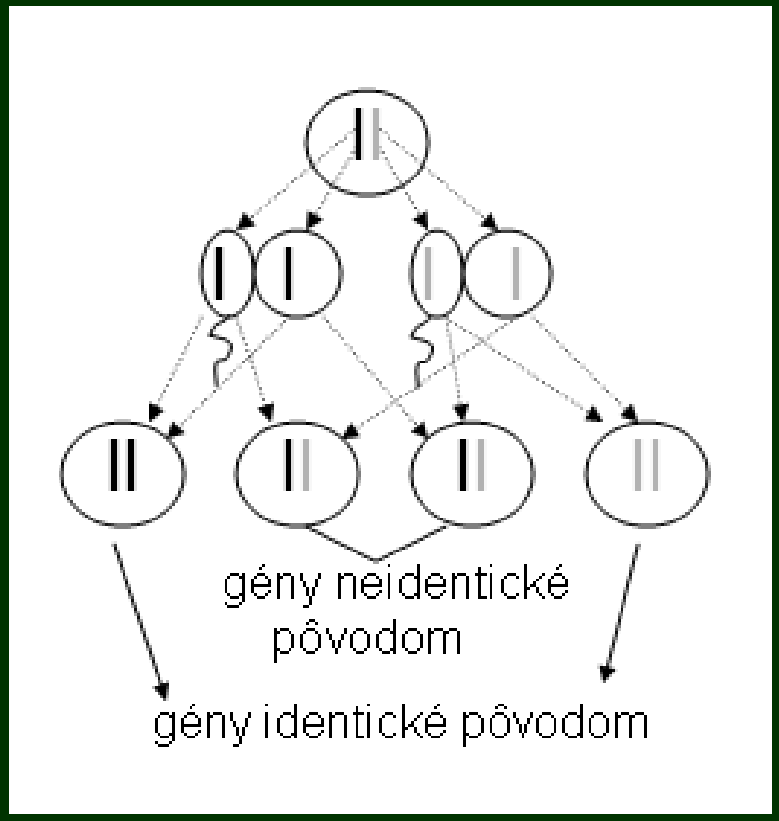
Riziká malých populácií:

inbreeding
genetický drift

Čo je príbuzenstvo a inbreeding?

Meranie inbreedingu – založené na koncepcii identity pôvodu

Gény identické pôvodom – kópie (repliky) rovnakého génu, vznikajúce replikáciou DNA počas gametogenézy (S-fáza, pred meiózou)



Meranie inbreedingu:

Koeficient inbreedingu = pravdepodobnosť, že dve náhodne vybraté homologické alely sú identické pôvodom, jedinec ich zdedil od predka, ktorý bol spoločný pre materskú aj otcovskú genetickú líniu

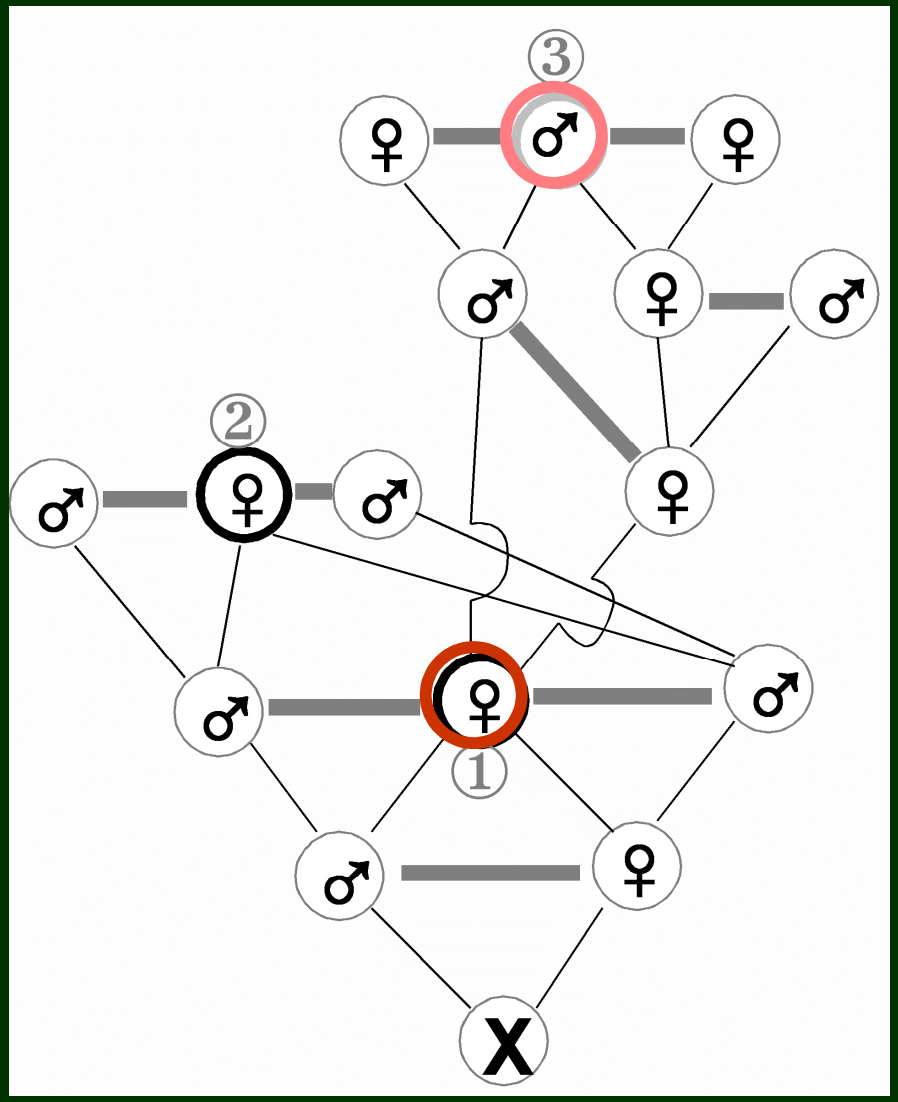
$$F = \sum 0.5^{m+n+1}(1 + F_A)$$

m – počet generácií oddeľujúcich inbredného jedinca od spoločného predka v materskej línii

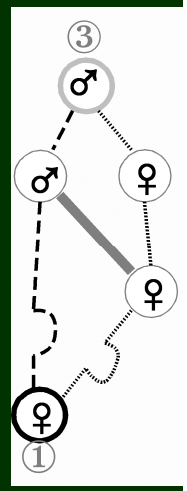
n – dtto v otcovskej línii

F_A – koeficient inbreedingu spoločného predka

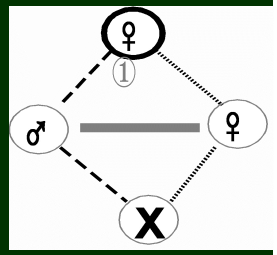
Príklad rodokmeňa:



spoločný predok 1 inbredný (rodičia = strýko + neter):

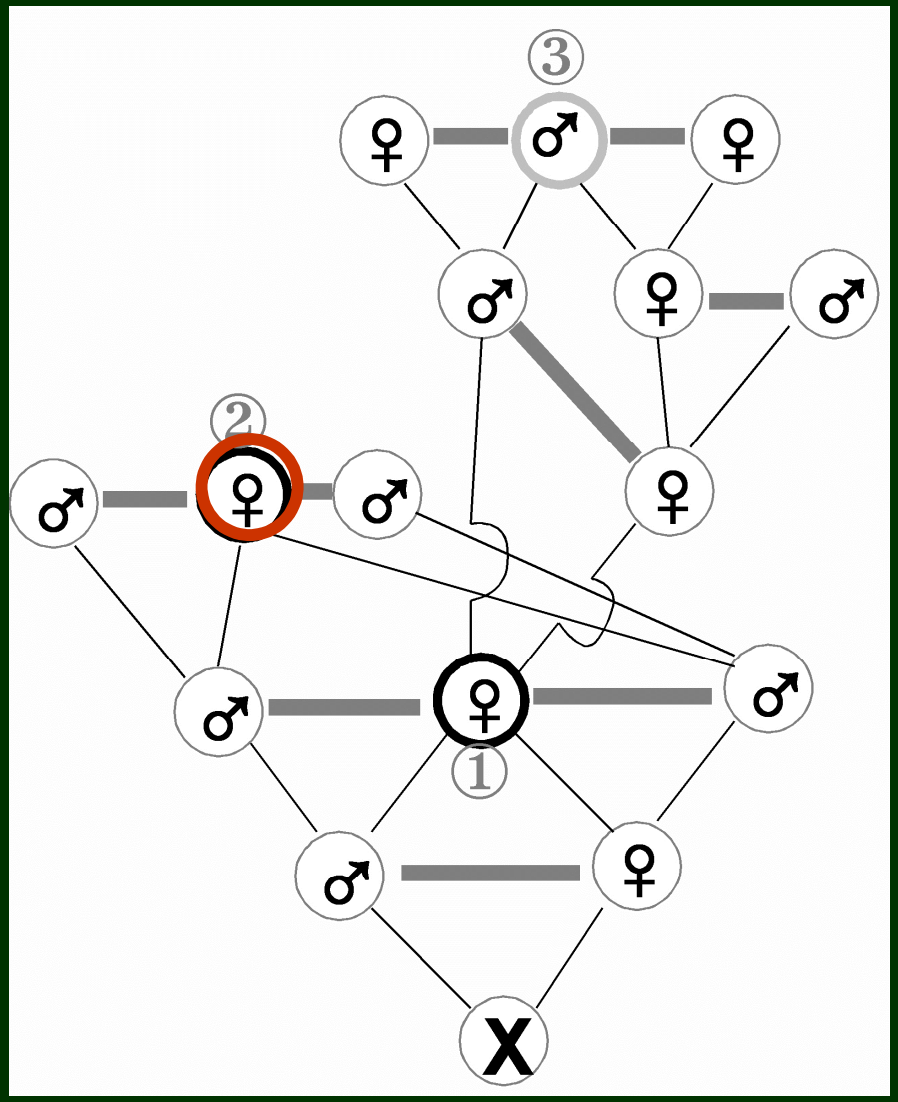


$F_1 = 0.5^{1+2+1} = 0.5^4$
$= 0.0625$

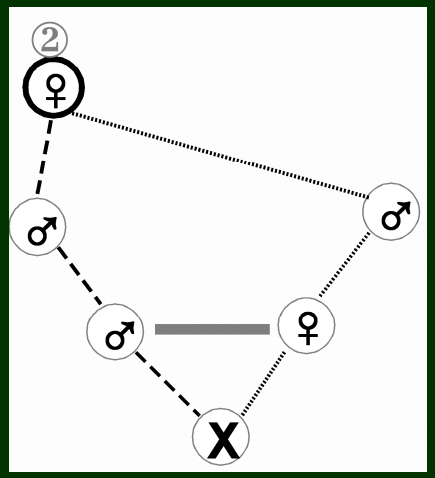


$F_X(1) = 0.5^{1+1+1}(1+F_1)$
$= 0.5^3(1+0.0625) = 0.1328$

Príklad rodokmeňa:



spoločný predok 2



$F_X(2) = 0.5^{2+2+1}(1+F_1)$
$= 0.5^5(1+0) = 0.0312$

$F_X = F_X(1) + F_X(2) =$
$0.1328 + 0.0312 = 0.1640$

Akumulácia inbreedingu v malých populáciách:

$F_t = 1 - [1/(2N_e)]^t$

$\Delta F = 1/(2N_e)$

$N_e = 0.5/\Delta F$

Nerovnomerné zastúpenie pohlaví:

$$N_e = 2[(1/N_m + 1/N_f)/2]^{-1} = 4N_mN_f/(N_m + N_f)$$

Kolísanie veľkosti populácie medzi generáciami:

$$N_e = [(1/N_1 + 1/N_2 + \ldots + 1/N_t)/t]^{-1}$$

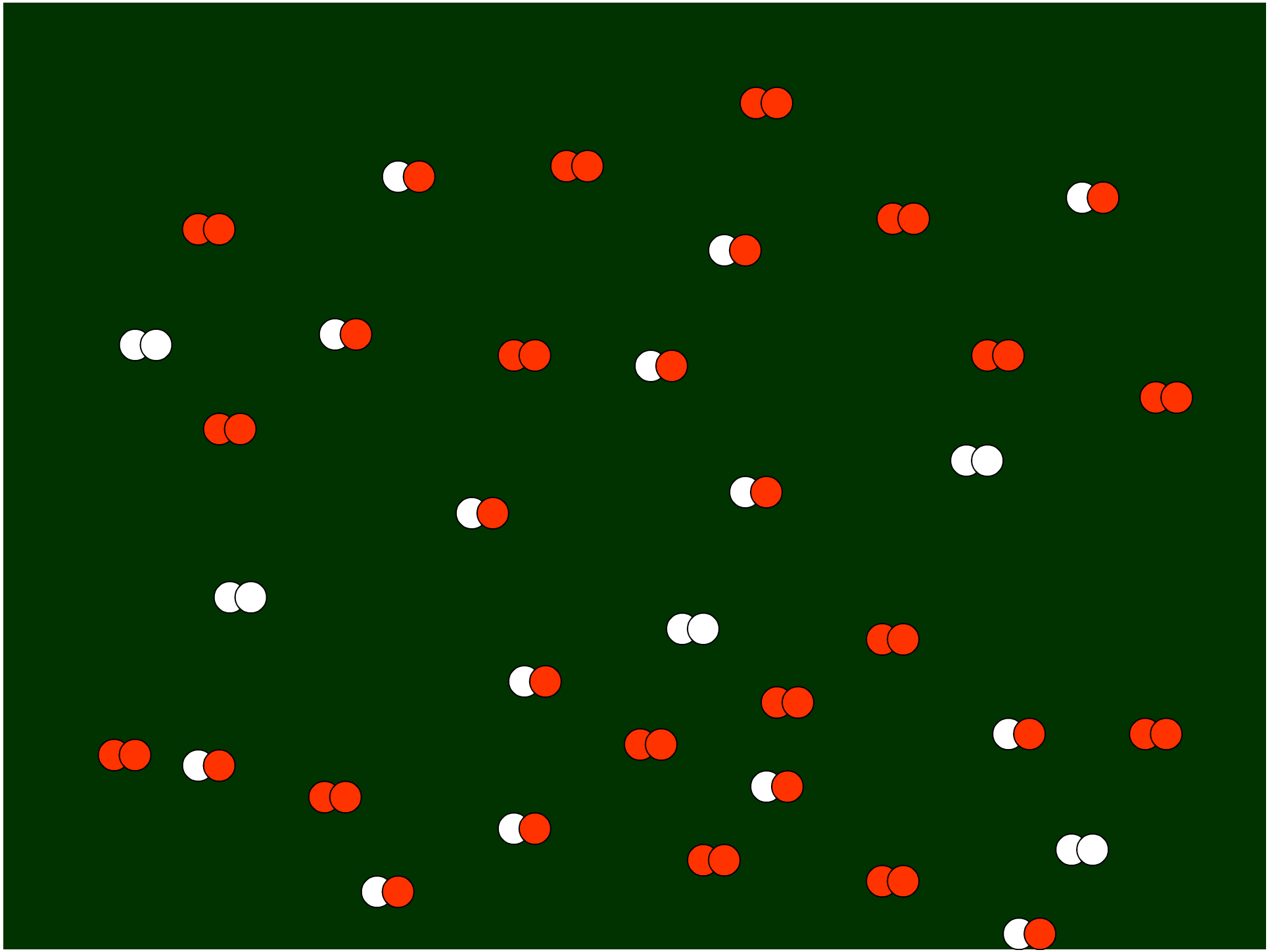
Štruktúra populácie

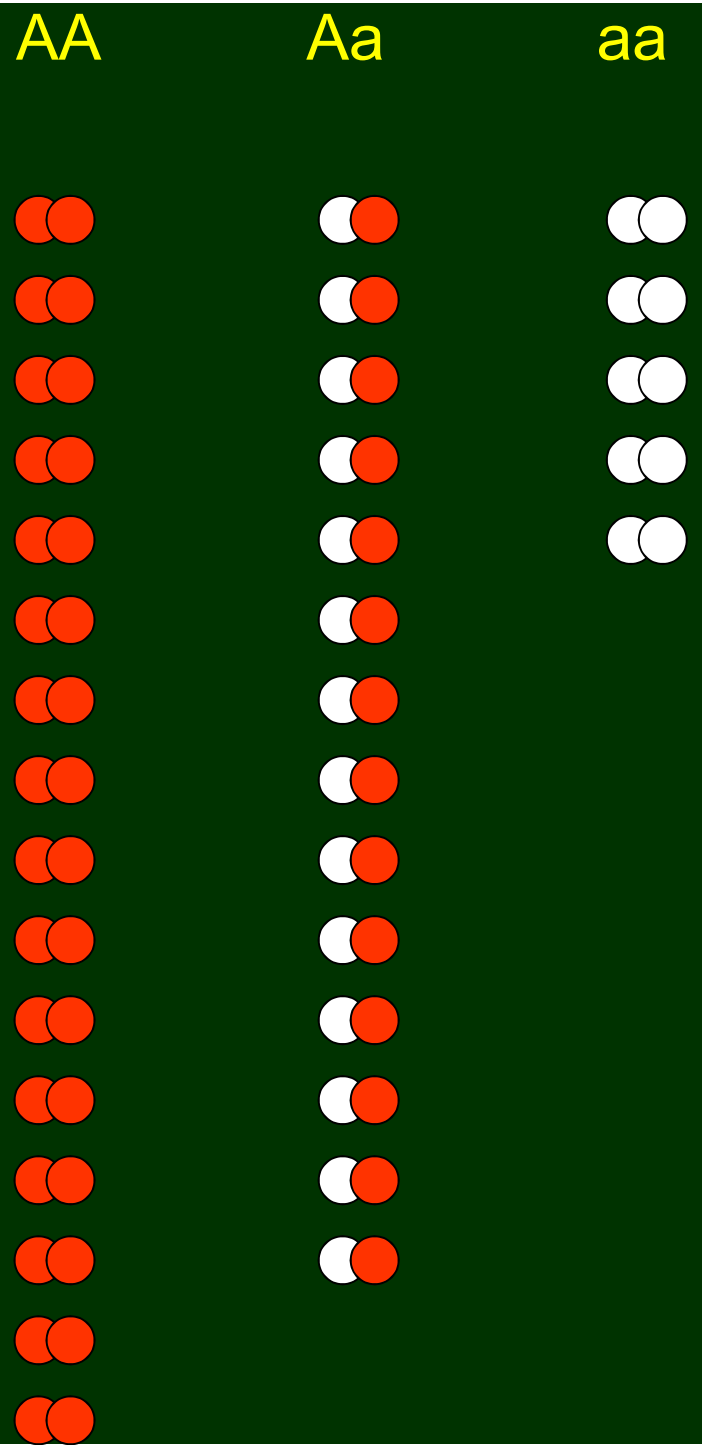
Fenotypová – zastúpenie fenotypov alebo fenotypových tried

Genetická
genotypová – zastúpenie jednotlivých genotypov
alelická – zastúpenie jednotlivých variantov génov

Frekvencia genotypu: $P(A_iA_j) = N(A_iA_j)/N$

Frekvencia alely: $p(A_i) = P(A_iA_i) + ½\Sigma\ P(A_iA_j);\ j \neq i$





Počty genotypov

$N(AA) = 16$

$N(Aa) = 14$

$N(aa) = 5$

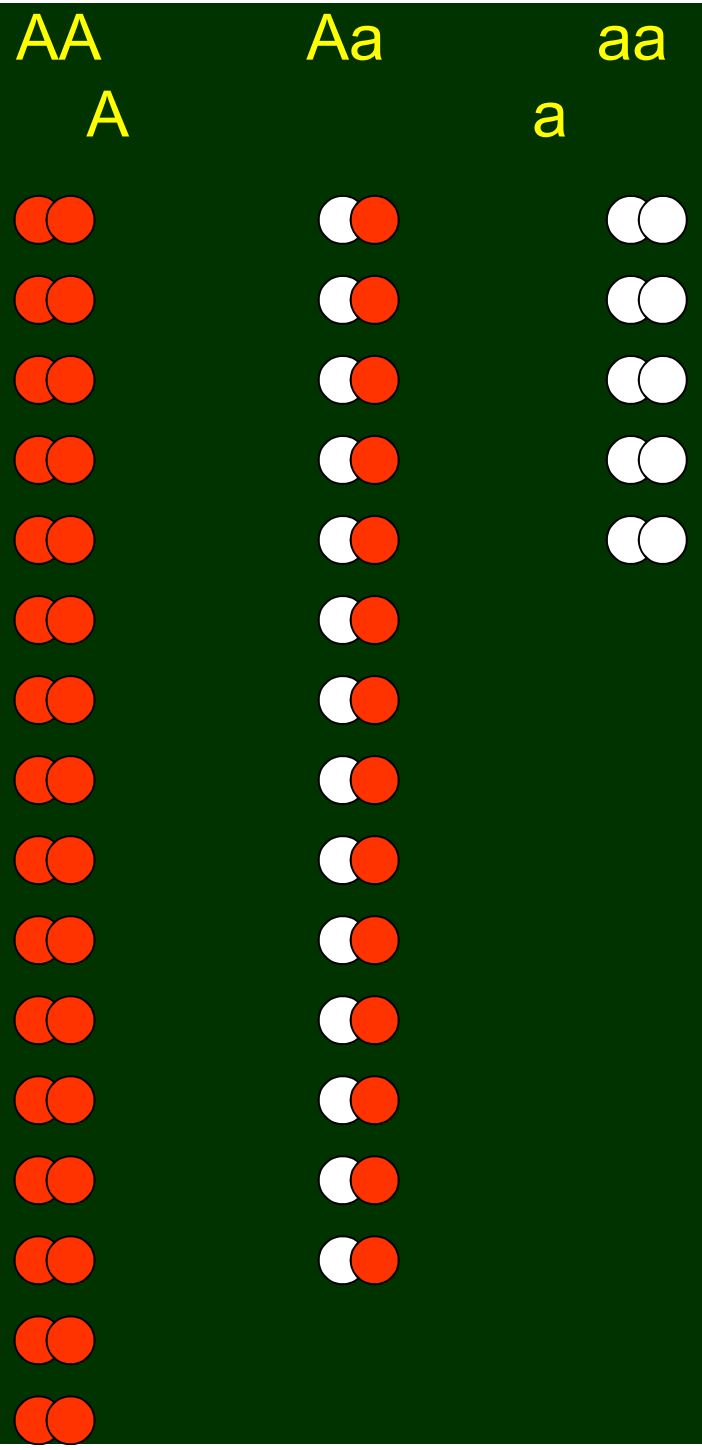
$N = 35$

Genotypové frekvencie

$P(AA) = 16/35 = 0{,}457$

$P(Aa) = 14/35 = 0{,}400$

$P(aa) = 5/35 = 0{,}143$



Počty genotypov

$N(AA) = 16$

$N(Aa) = 14$

$N(aa) = 5$

$N = 35$

Genotypové frekvencie

$P(AA) = 16/35 = 0{,}457$

$P(Aa) = 14/35 = 0{,}400$

$P(aa) = 5/35 = 0{,}143$

Alelické frekvencie

$p(A) = P(AA) + \frac{1}{2} P(Aa)$

$= 0{,}657$

$p(a) = P(aa) + \frac{1}{2} P(Aa)$

$= 0{,}343$

Vývoj genotypovej štruktúry autogamnej populácie

	Genotypové frekvencie		
	AA	**Aa**	**aa**
Generácia 0	***P***	***H***	***Q***
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a
Genotypové frekvencie potomstva	*P* AA	¼ *H* AA + ½ *H* Aa + ¼ *H* aa	*Q* aa
Generácia 1	***P* + ¼ *H***	***½ H***	***Q* + ¼ *H***
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a
Genotypové frekvencie potomstva	***P* + ¼ *H*** AA	⅛ *H* AA + ¼ *H* Aa + ⅛ *H* aa	***Q* + ¼ *H*** aa
Generácia 2	***P* + ⅜ *H***	***¼ H***	***Q* + ⅜ *H***
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a
Genotypové frekvencie potomstva	***P* + ⅜ *H*** AA	$^1/_{16}$ *H* AA + ⅛ *H* Aa + $^1/_{16}$ *H* aa	***Q* + ⅜ *H*** aa
Generácia 3 ...		***⅛ H***	

$$P(\mathrm{Aa})_n = H^n$$

Vývoj genotypovej a alelickej štruktúry panmiktickej populácie

Hardy-Weinbergov zákon

V nekonečne veľkej panmiktickej populácii zostáva zastúpenie alel z generácie na generáciu rovnaké, ak v populácii nedochádza k

- selekcii
- mutáciám
- migrácii
- genetickému driftu (náhodným zmenám)

(evolučné faktory)

Jedna generácia náhodného párovania stačí na ustálenie genotypovej štruktúry

Vývoj genotypovej a alelickej štruktúry panmiktickej populácie Hardy-Weinbergov zákon

Rastlinné populácie (náhodný výber gamét)

	Genotypové frekvencie v diploidnej generácii			Alelické frekvencie v gamétach	
	AA	**Aa**	**aa**	**A**	**a**
Generácia 0	***P***	***H***	***Q***		
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a	$p=P+\frac{1}{2}H$	$q=Q+\frac{1}{2}H$
				$p + q = 1$	
Generácia 1	p^2	$2pq$	q^2		
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a	$p´=p^2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= p(p+q) = p$	$q´=q^2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= q(p+q) = q$
Generácia 2	p^2	$2pq$	q^2		
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a	$p´=p2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= p(p+q) = p$	$q´=q2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= q(p+q) = q$
Generácia 3	$p2$	$2pq$	$q2$		
Gaméty	1,0 A	0,5 A + 0,5 a	1,0 a	$p´=p2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= p(p+q) = p$	$q´=q2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= q(p+q) = q$

...

Vývoj genotypovej a alelickej štruktúry panmiktickej populácie Hardy-Weinbergov zákon

Rastlinné populácie (náhodný výber gamét)

		♂		
		$p\ A$	$q\ a$	
♀	p A	$p \times p = p^2$ AA	$p \times q = pq$ Aa	
	q a	$q \times p = pq$ Aa	$q \times q = q^2$ aa	

Genotypové frek… v diploidnej gen…

frekvencie … métach

	AA	**a**
Generácia 0	***P***	
Gaméty	1,0 A	$q=Q+½H$
Generácia 1	p^2	
Gaméty	1,0 A	$q´=q^2+½(2pq) = q(p+q) = q$
Generácia 2	p^2	
Gaméty	1,0 A	$q´=q2+½(2pq) = q(p+q) = q$
Generácia 3	***p2***	
Gaméty	1,0 A	$q´=q2+½(2pq) = q(p+q) = q$

...

Vývoj genotypovej a alelickej štruktúry panmiktickej populácie

Živočíšne populácie (náhodné párovanie rodičov)

	Genotypové frekvencie rodičov			Alelické frekvencie	
	AA	**Aa**	**aa**	**A**	**a**
Generácia 0	***P***	***H***	***Q***		
				$p=P+\frac{1}{2}H$	$q=Q+\frac{1}{2}H$

		♂		
		P AA	*H Aa*	*Q aa*
♀	*P AA*	P^2 *AA*×*AA* **1,0 *AA***	*PH* *AA*×*Aa* **0,5 *AA*+0,5 *Aa***	*PQ* *AA*×*aa* **1,0 *Aa***
	H Aa	*PH* *Aa*×*AA* **0,5*AA*+ 0,5*Aa***	H^2 *Aa*×*Aa* **0,25*AA*+0,5*Aa* +0,25*aa***	*QH* *Aa*×*aa* **0,5*Aa*+ 0,5*aa***
	Q aa	*PQ* *aa*×*AA* **1,0 *Aa***	*QH* *aa*×*Aa* **0,5*Aa*+0,5*aa***	Q^2 *aa*×*aa* **1,0*aa***

Vývoj genotypovej a alelickej štruktúry panmiktickej populácie

Živočíšne populácie

	Genotypové frekvencie rodičov			Alelické frekvencie	
	AA	**Aa**	**aa**	**A**	**a**
Generácia 0	***P***	***H***	***Q***		
				$p=P+\frac{1}{2}H$	$q=Q+\frac{1}{2}H$

		Genotypové frekvencie potomstva		
		AA	**Aa**	**aa**
Kríženie	Frekv.			
AA × AA	P^2	P^2	0	0
AA × Aa	$2PH$	PH	PH	0
AA × aa	$2PQ$	0	$2PQ$	0
Aa × Aa	H^2	$\frac{1}{4}H^2$	$\frac{1}{2}H^2$	$\frac{1}{4}H^2$
Aa × aa	$2HQ$	0	HQ	HQ
aa × aa	Q^2	0	0	Q^2
Generácia 1		$(P+\frac{1}{2}H)^2$ $= \boldsymbol{p^2}$	$2(P+\frac{1}{2}H)(Q+\frac{1}{2}H)$ $= \boldsymbol{2pq}$	$(Q+\frac{1}{2}H)^2$ $= \boldsymbol{q^2}$
				$p'=p^2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= \boldsymbol{p}$	$q'=q^2+\frac{1}{2}(2pq)$ $= \boldsymbol{q}$

Vývoj genotypovej a alelickej štruktúry panmiktickej populácie

Živočíšne populácie

	Genotypové frekvencie rodičov			Alelické frekvencie	
	AA	**Aa**	**aa**	**A**	**a**
Generácia 1	$\boldsymbol{p^2}$	$\boldsymbol{2pq}$	$\boldsymbol{q^2}$		
				$p^2+½(2pq)$ **= $\boldsymbol{p}$**	$q^2+½(2pq)$ **= $\boldsymbol{q}$**

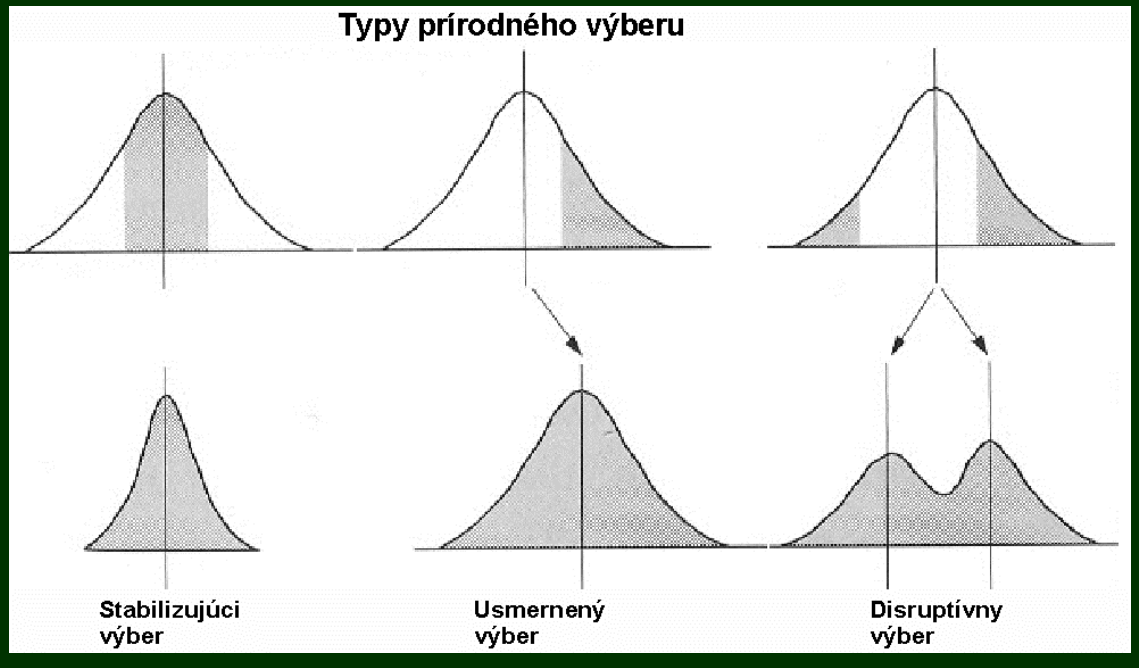
		Genotypové frekvencie potomstva		
Kríženie	Frekv.			
AA × AA	p^4	p^4	0	0
AA × Aa	$4p^3q$	$2p^3q$	$2p^3q$	0
AA × aa	$2p^2q^2$	0	$2p^2q^2$	0
Aa × Aa	$4p^2q^2$	p^2q^2	$2p^2q^2$	p^2q^2
Aa × aa	$2pq^3$	0	$2pq^3$	$2pq^3$
aa × aa	q^4	0	0	q^4
Generácia 2		$p^2(p^2+2pq+q^2)$ **= $\boldsymbol{p^2}$**	$2pq(p^2+2pq+q^2)$ **= $\boldsymbol{2pq}$**	$q^2(p^2+2pq+q^2)$ **= $\boldsymbol{q^2}$**
				$p^2+½(2pq)$ **= $\boldsymbol{p}$**
				$q^2+½(2pq)$ **= $\boldsymbol{q}$**

...

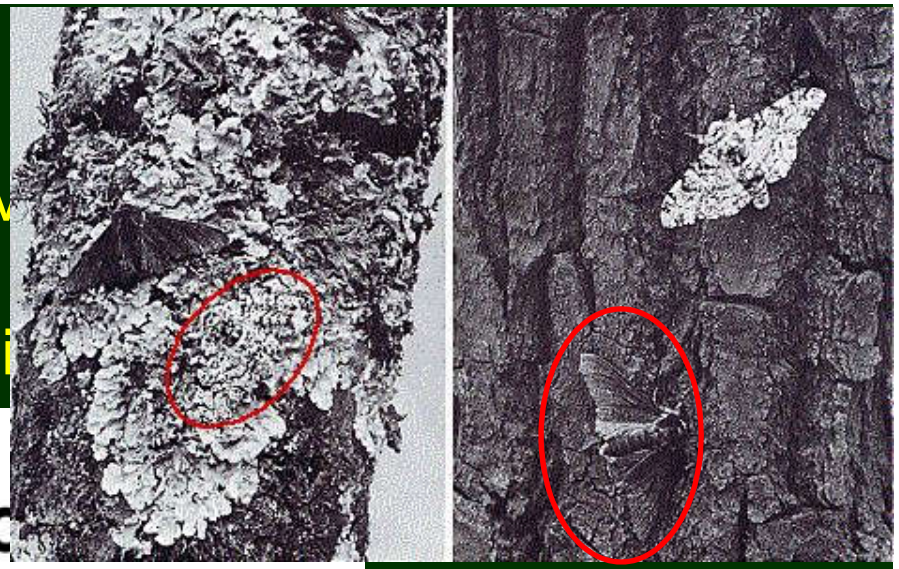
Selekcia – nerovnaké odovzdávanie genetickej informácie medzi generáciami v dôsledku odlišnej životaschopnosti (viability) alebo plodnosti (fertility)

Fitness (biologická zdatnosť = životaschopnosť × plodnosť)

Dopad výberu na premenlivosť polygénneho fenotypového znaku:

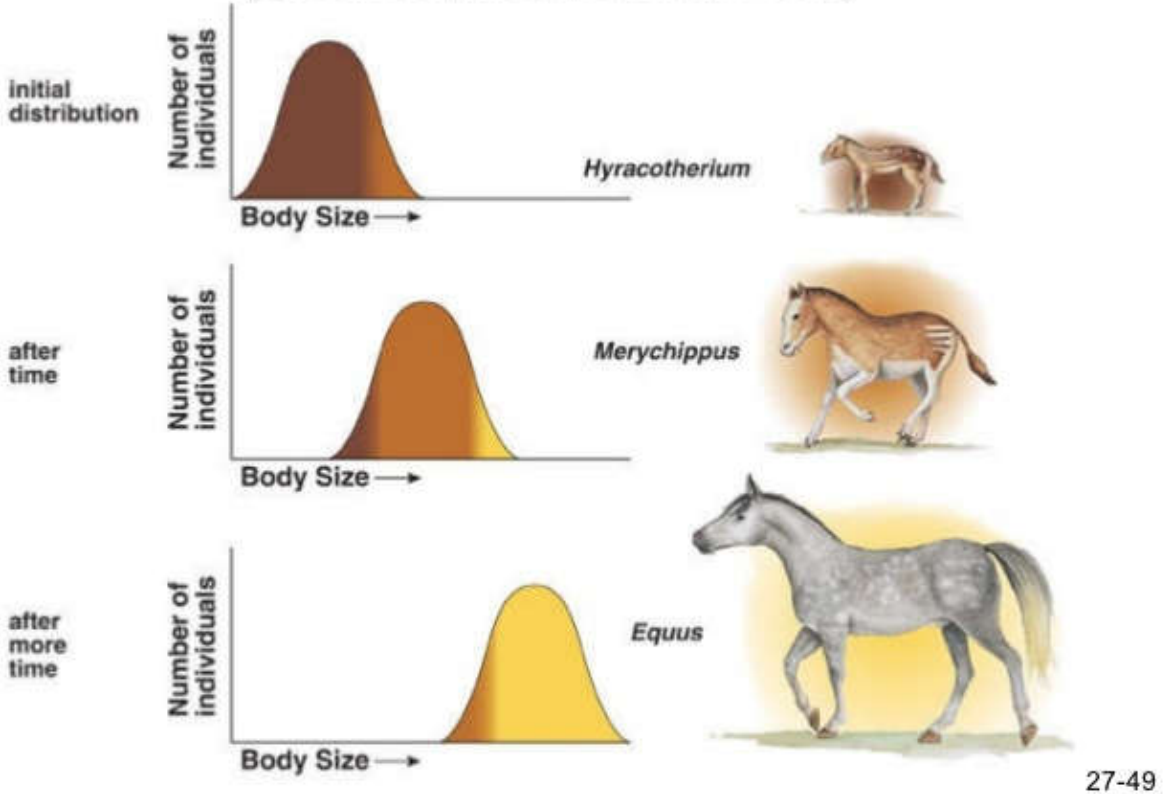


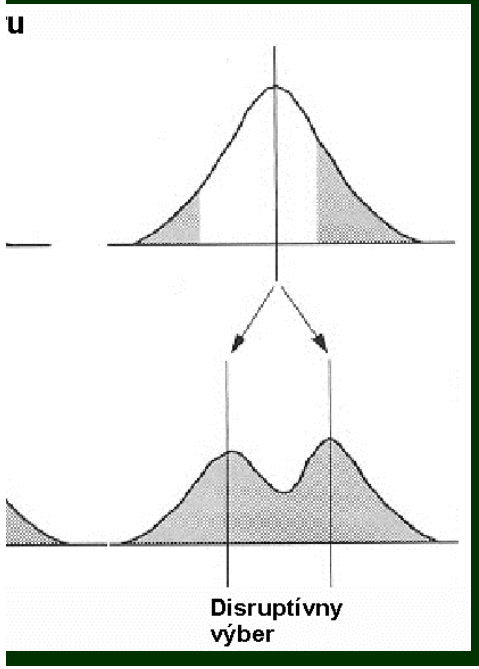
Selekcia – nerovnaké odovzdáv
medzi generáciami v dôsledku
(viability) alebo plodnosti (fertili



Directional selectio

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.

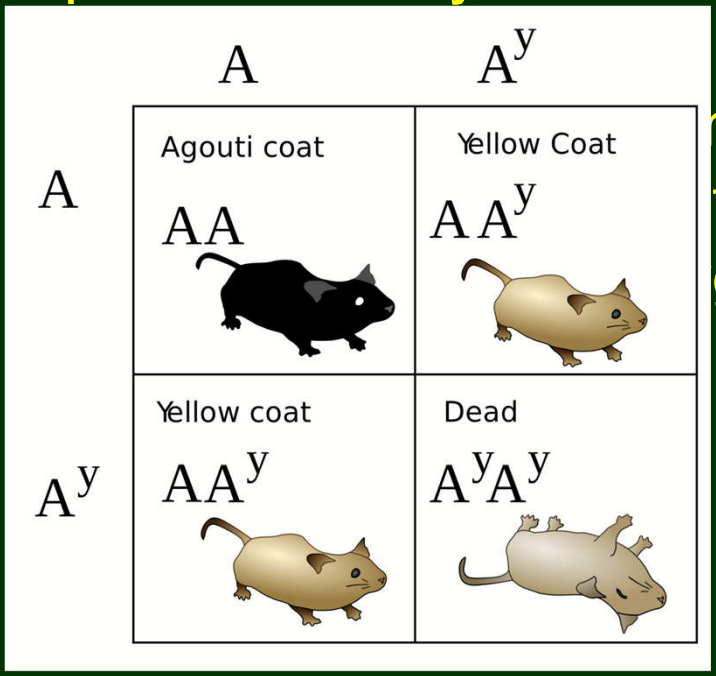




Selekcia

Genetický základ selekcie:

• proti recesívnym homozygotom (letálne a semiletálne gény)



ntitatívne znaky)

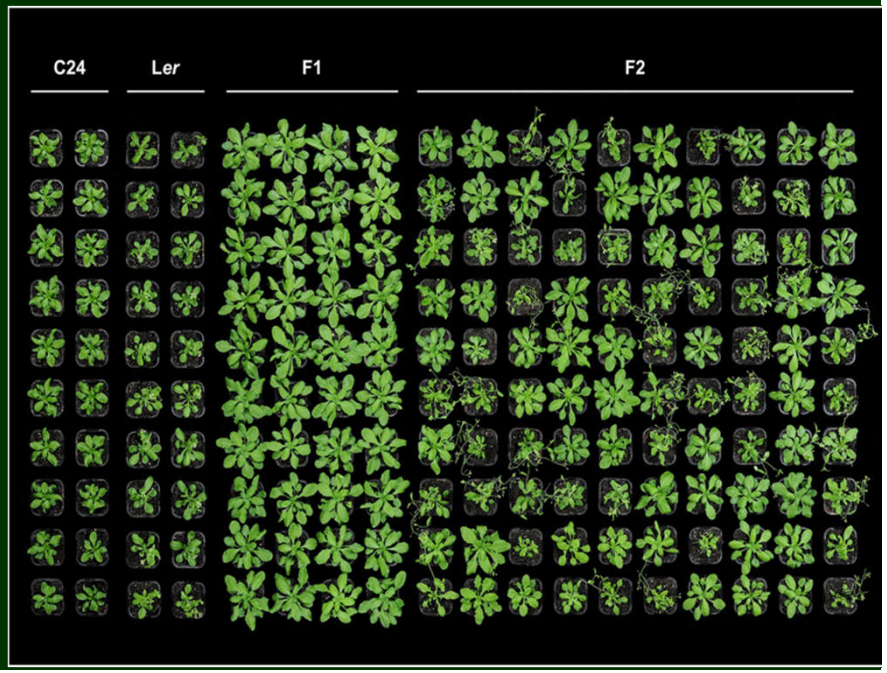
tov (heteróza)

gotov (outbredná depresia)

Selekcia

Genetický základ selekcie:

- proti recesívnym homozygotom (letálne a semiletálne gény)
- proti dominantnej alele
- pri aditivite génov (kvantitatívne znaky)
- v prospech heterozygotov (heteróza)
- v neprospech heterozygotov (outbredná depresia)



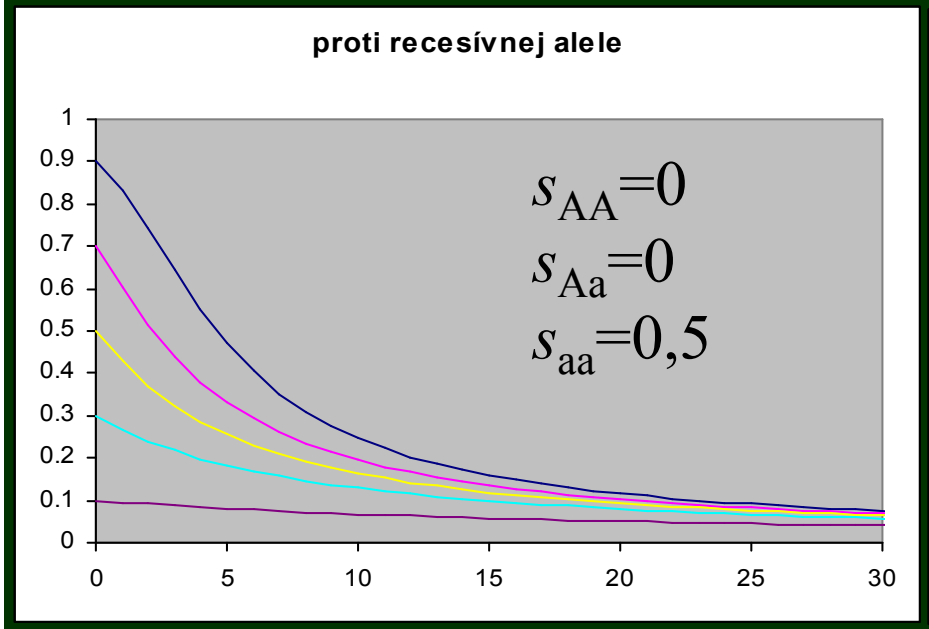
Selekcia

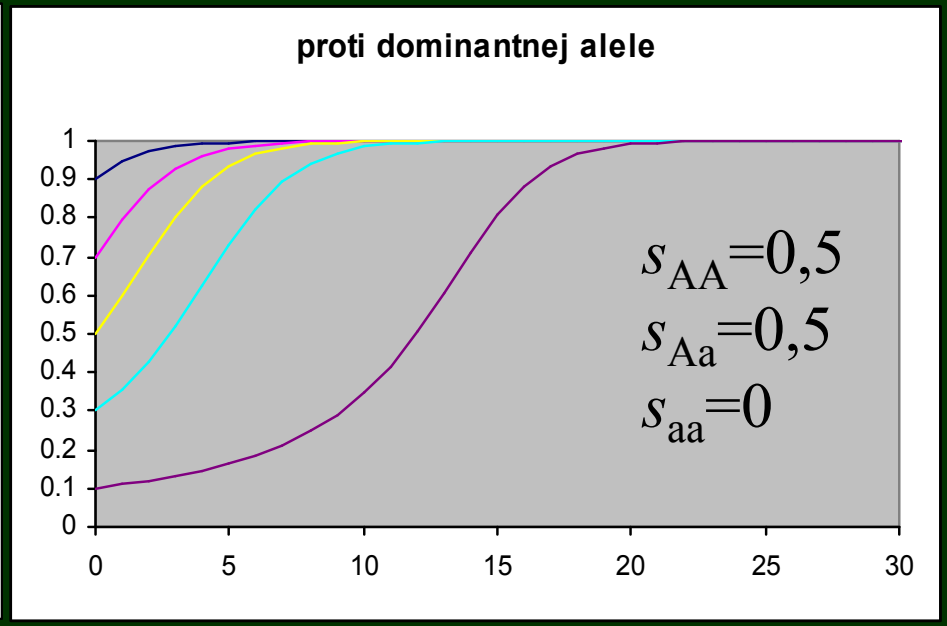
Genetický základ selekcie:

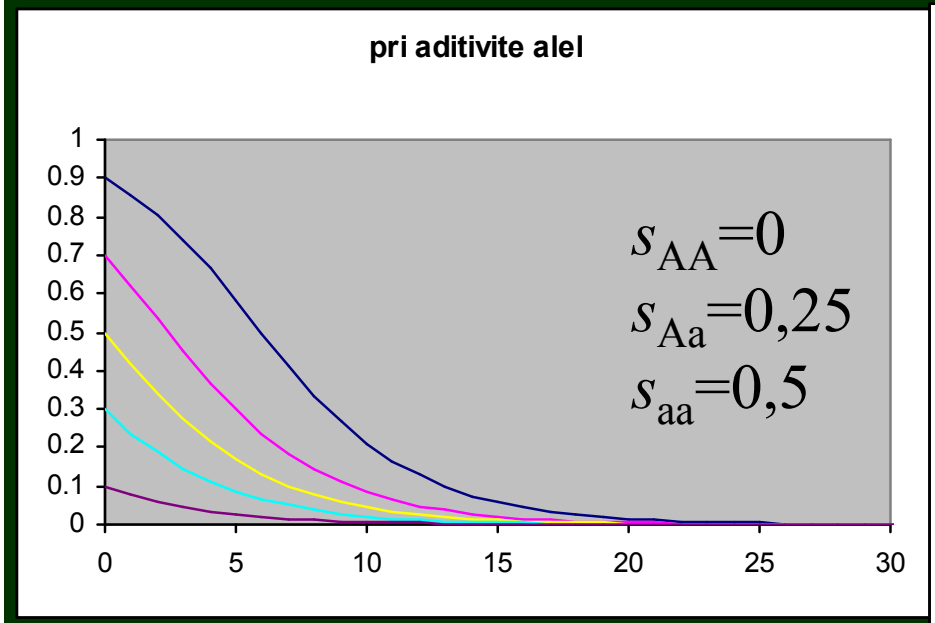
- proti recesívnym homozygotom (letálne a semiletálne gény)
- proti dominantnej alele
- pri aditivite génov (kvantitatívne znaky)
- v prospech heterozygotov (heteróza)
- v neprospech heterozygotov (outbredná depresia)

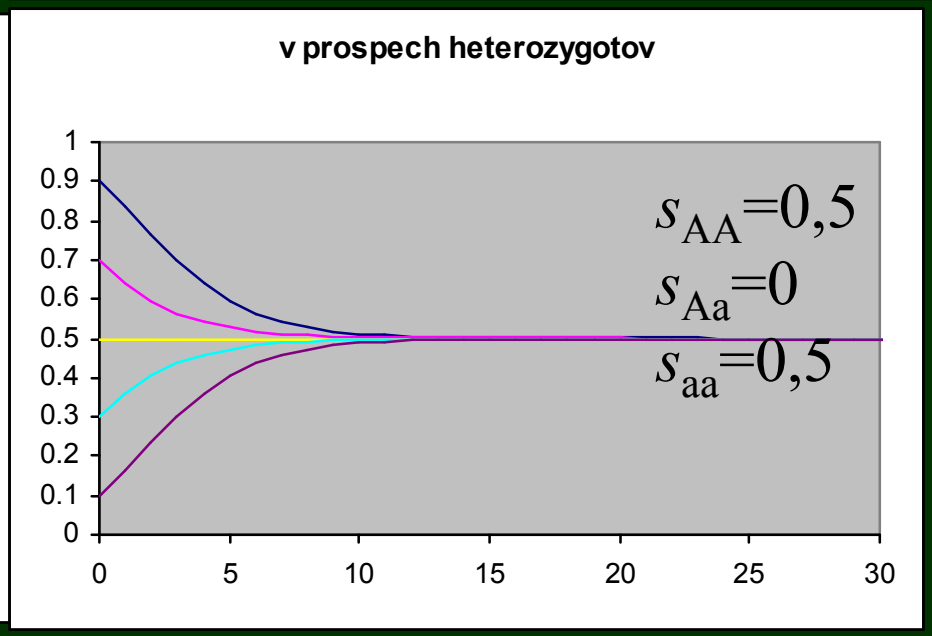
Selekčný koeficient – podiel jedincov konkrétneho genotypu, ktorí z populácie za 1 generáciu vypadnú

Selekcia v nekonečne veľkých populáciach

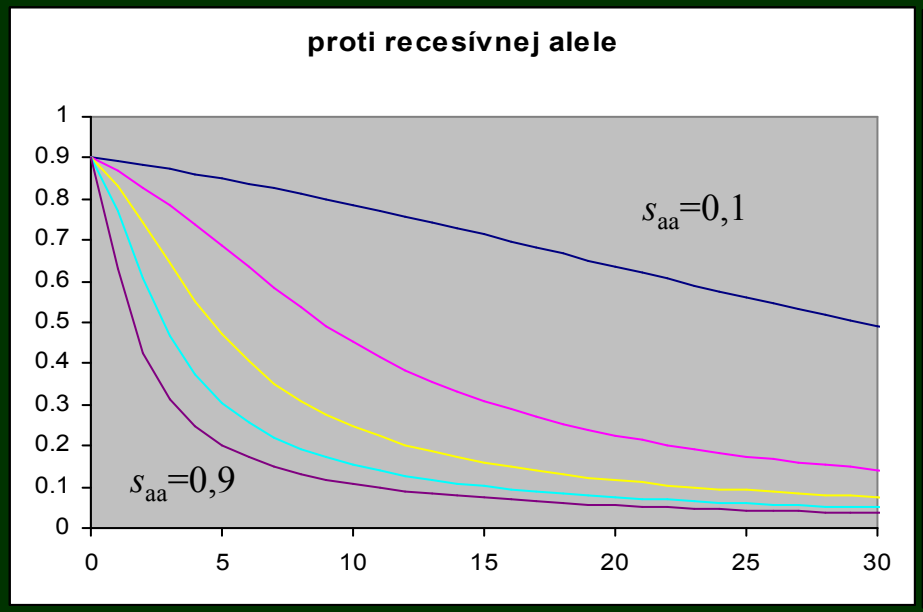


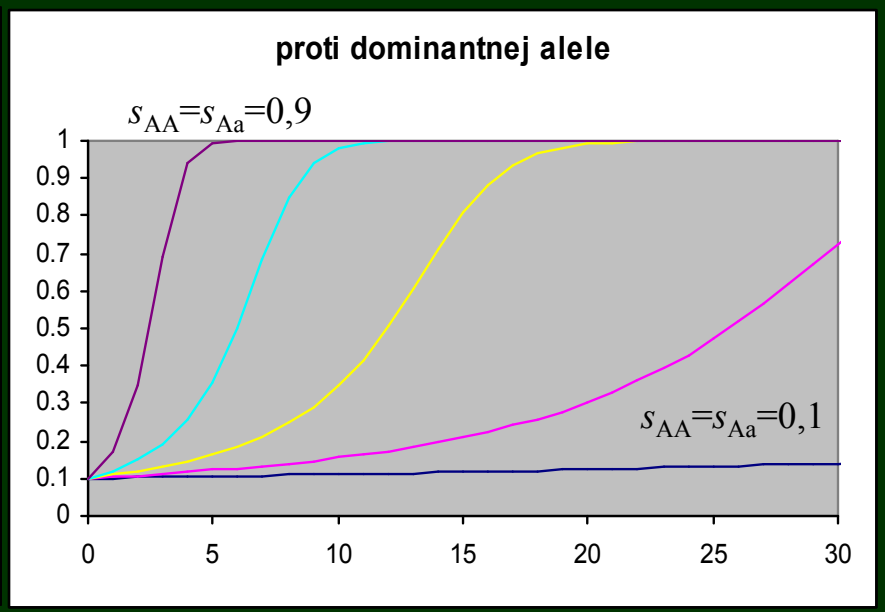


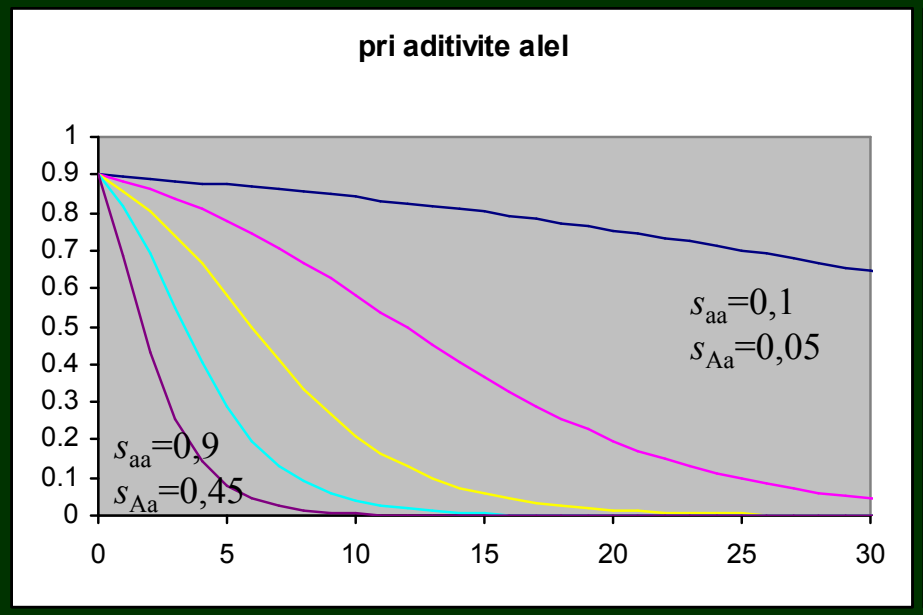


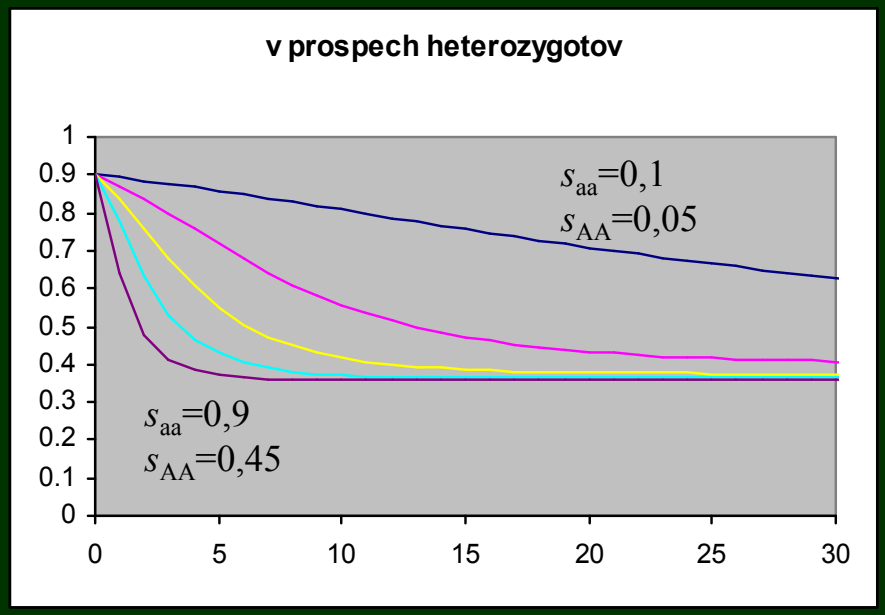


Selekcia v nekonečne veľkých populáciach









Drift

- náhodné zmeny alelickej štruktúry
- malé populácie resp. alely s nízkym početným zastúpením

Drift

$$P_i(x) = \binom{2N}{x} p_i^x (1 - p_i)^{2N-x}$$

$$\binom{2N}{x} = \frac{(2N)!}{(2N-x)!x!}$$

2*N*=4	**0**	**1**	**2**	**3**	**4**
			p_i		
x	0	0,25	0,5	0,75	1
0	1	0,3164	0,0625	0,0039	0
1	0	0,4219	0,2500	0,0469	0
2	0	0,2109	0,3750	0,2109	0
3	0	0,0469	0,2500	0,4219	0
4	0	0,0039	0,0625	0,3164	1

Drift

$$P_i(x) = \binom{2N}{x} p_i^x (1 - p_i)^{2N-x}$$

$$\binom{2N}{x} = \frac{(2N)!}{(2N-x)!x!}$$

2*N*=4	**0**	**1**	**2**	**3**	**4**
			p_i		
x	0	0,25	0,5	0,75	1
0	1	0,3164	0,0625	0,0039	0
1	0	0,4219	0,2500	0,0469	0
2	0	0,2109	0,3750	0,2109	0
3	0	0,0469	0,2500	0,4219	0
4	0	0,0039	0,0625	0,3164	1

Drift

$$P_i(x) = \binom{2N}{x} p_i^x (1 - p_i)^{2N-x}$$

$$\binom{2N}{x} = \frac{(2N)!}{(2N-x)!x!}$$

2*N*=4	**0**	**1**	**2**	**3**	**4**
			p_i		
x	0	0,25	0,5	0,75	1
0	1	0,3164	0,0625	0,0039	0
1	0	0,4219	0,2500	0,0469	0
2	0	0,2109	0,3750	0,2109	0
3	0	0,0469	0,2500	0,4219	0
4	0	0,0039	0,0625	0,3164	1

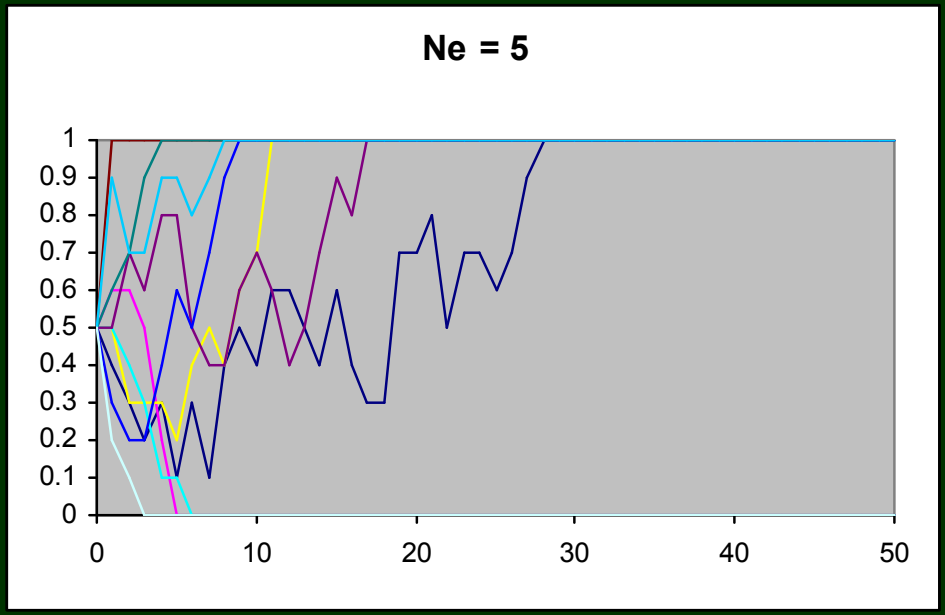
Drift

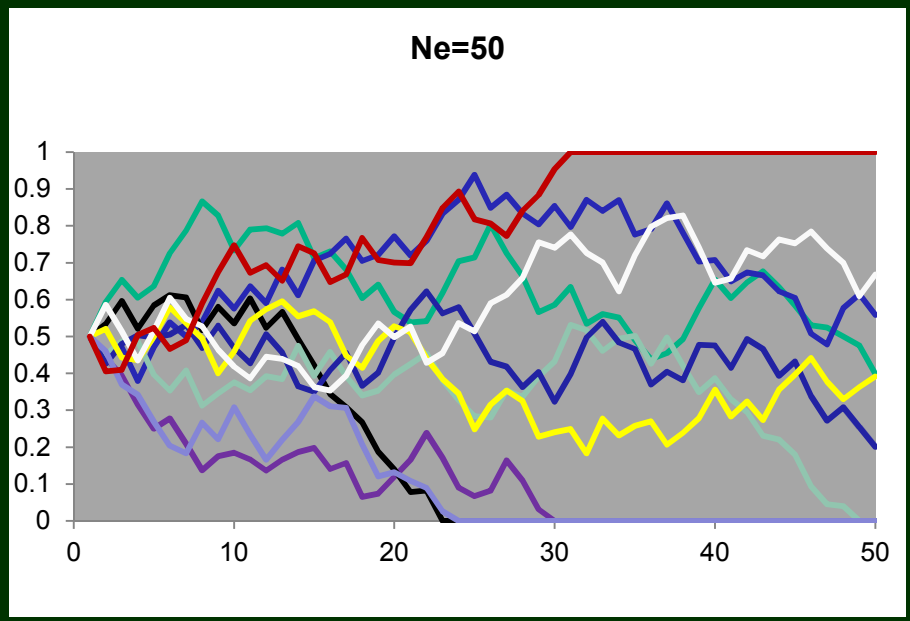
$$P_i(x) = \binom{2N}{x} p_i^x (1 - p_i)^{2N-x}$$

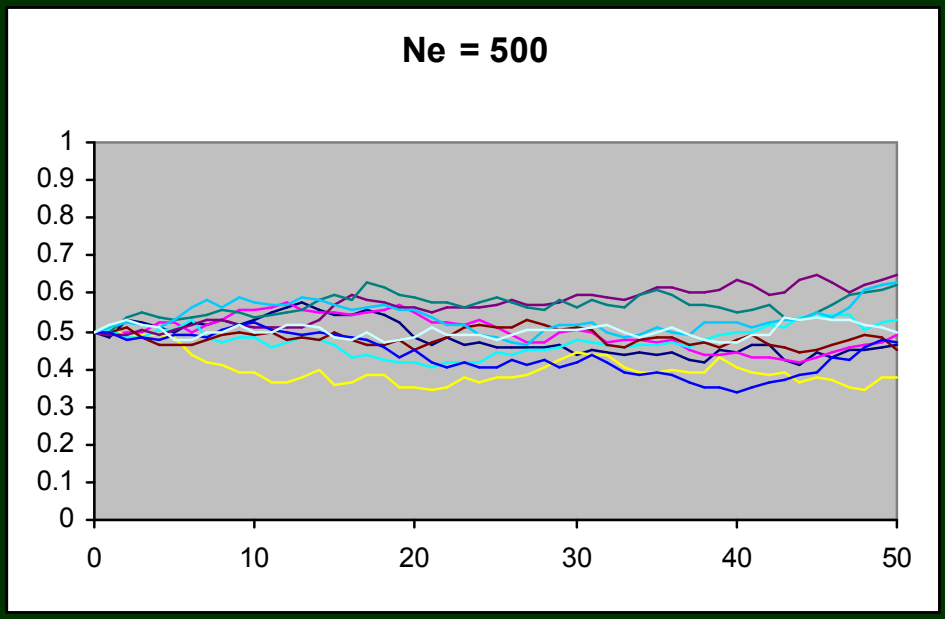
$$\binom{2N}{x} = \frac{(2N)!}{(2N-x)!x!}$$

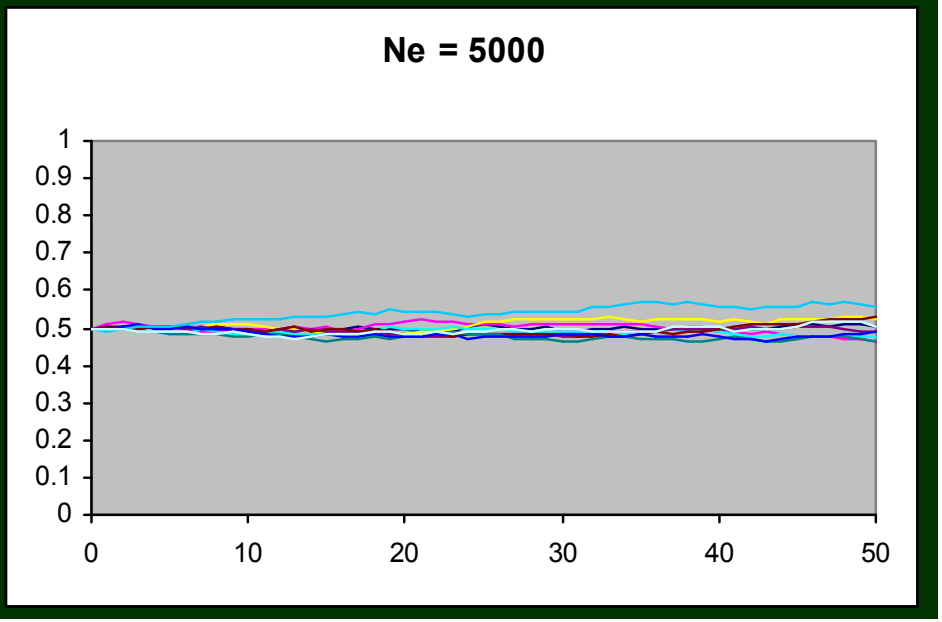
2*N*=4	**0**	**1**	**2**	**3**	**4**
			p_i		
x	0	0,25	0,5	0,75	1
0	1	0,3164	0,0625	0,0039	0
1	0	0,4219	0,2500	0,0469	0
2	0	0,2109	0,3750	0,2109	0
3	0	0,0469	0,2500	0,4219	0
4	0	0,0039	0,0625	0,3164	1

Drift

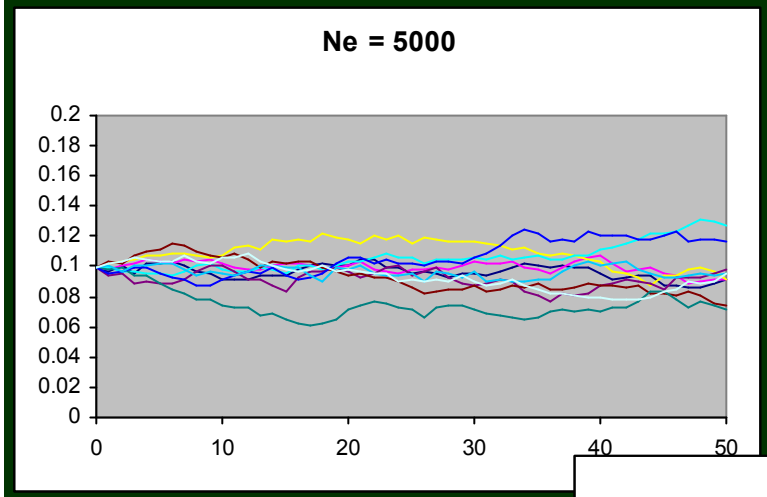

Ne = 5
1
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0
0
10
20
30
40
50

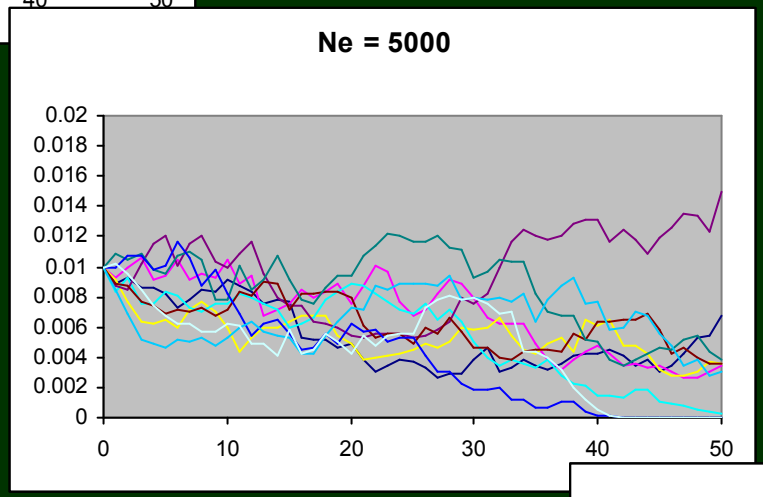

Ne=50
1
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0
0
10
20
30
40
50

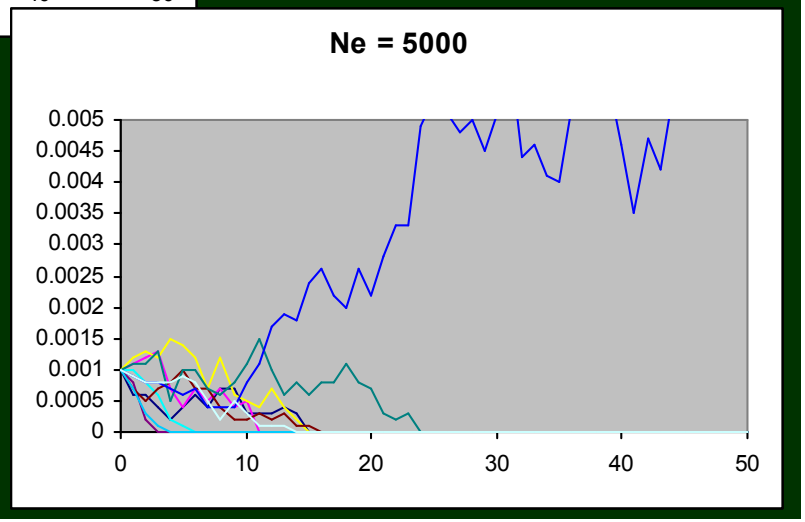

Ne = 500
1
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0
0
10
20
30
40
50


Ne = 5000
1
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0
0
10
20
30
40
50

Drift


Ne = 5000
0.2
0.18
0.16
0.14
0.12
0.1
0.08
0.06
0.04
0.02
0
0
10
20
30
40
50


Ne = 5000
0.02
0.018
0.016
0.014
0.012
0.01
0.008
0.006
0.004
0.002
0
0
10
20
30
40
50

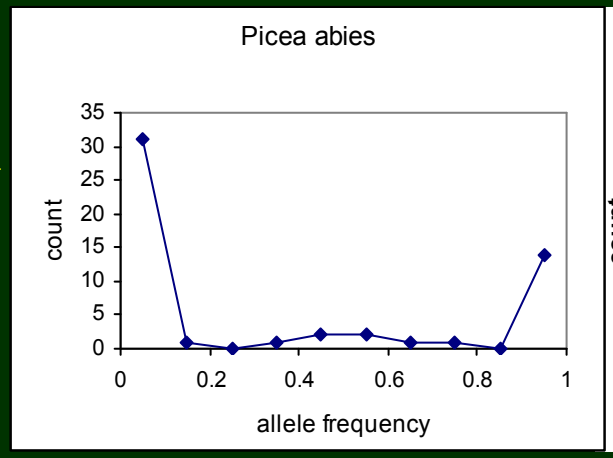

Ne = 5000
0.005
0.0045
0.004
0.0035
0.003
0.0025
0.002
0.0015
0.001
0.0005
0
0
10
20
30
40
50

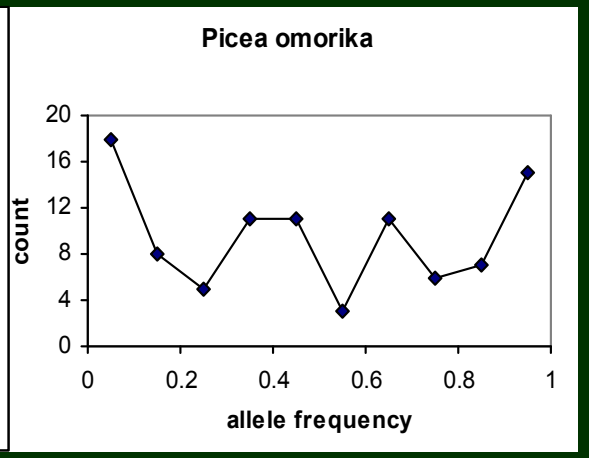
Drift

- efekt zahrdlenia (bottleneck)
- efekt zakladateľa (founder)

Dôsledky:

- vyrovnané zastúpenie alel





- strata diverzity:

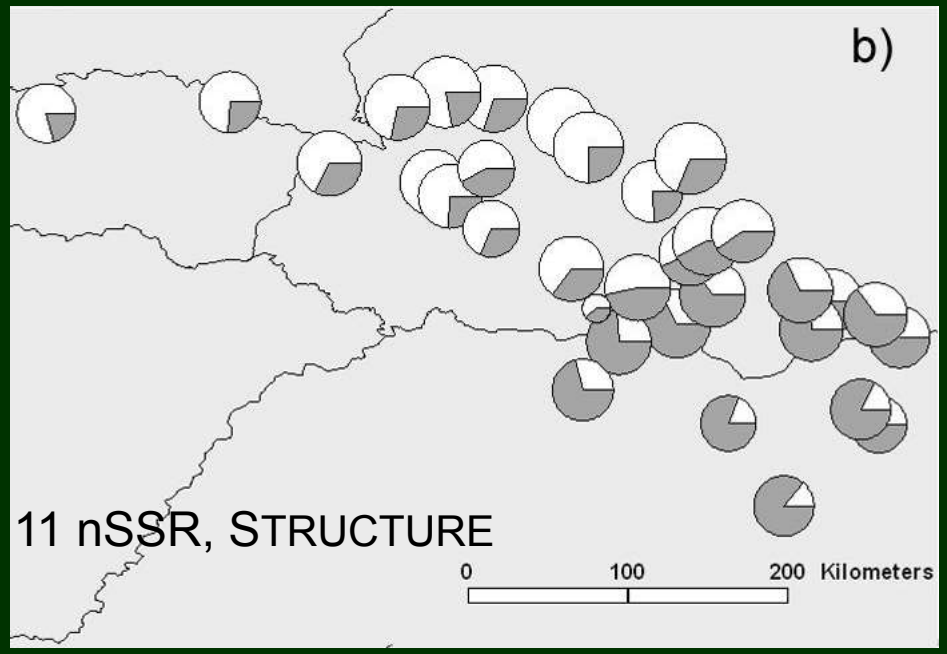
$$H_e(t) = \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t H_e(0)$$

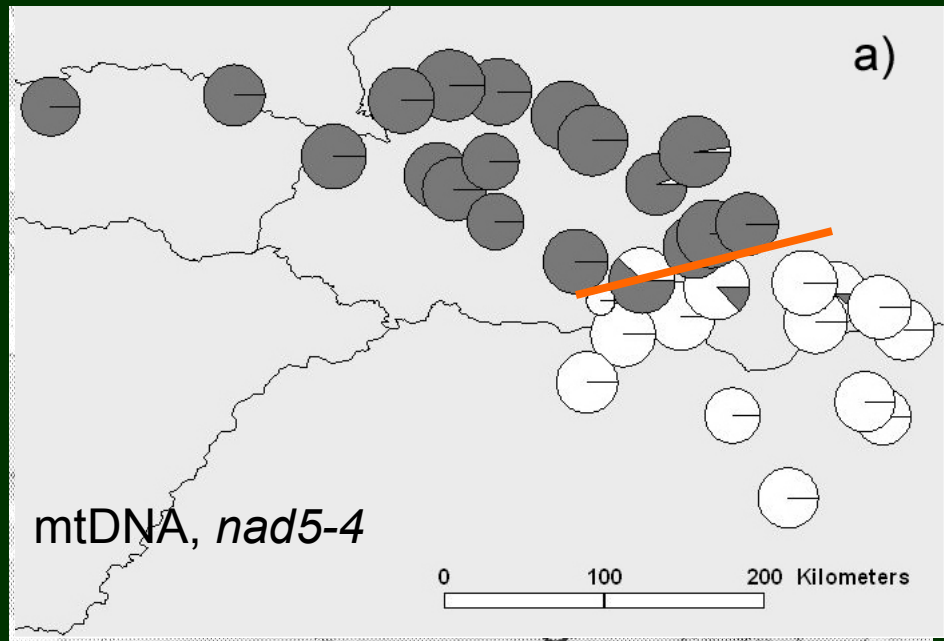
- hromadenie inbreedingu

Migrácia

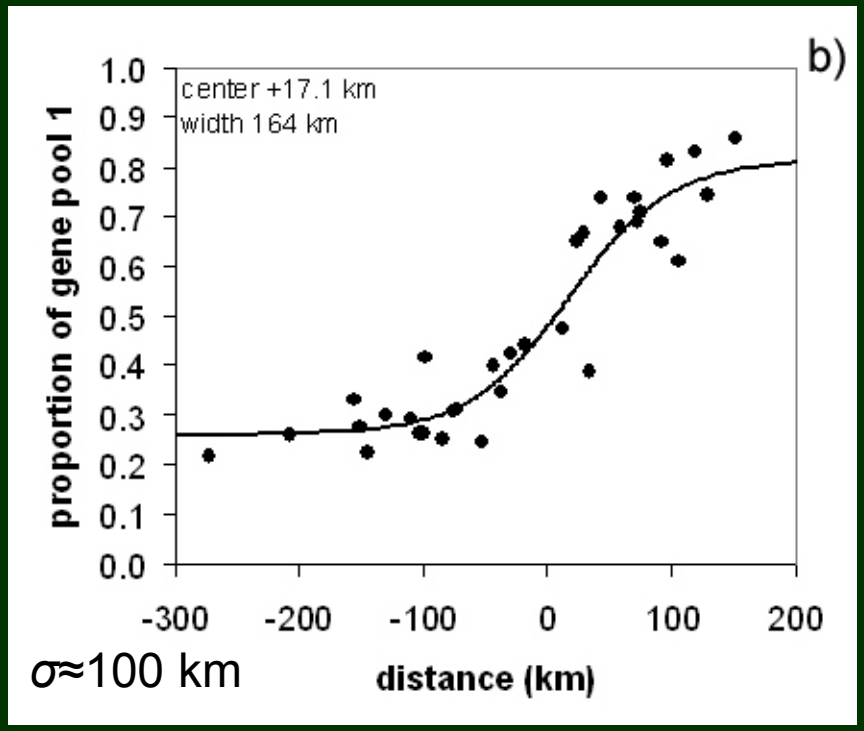
Prenos génov medzi populáciami

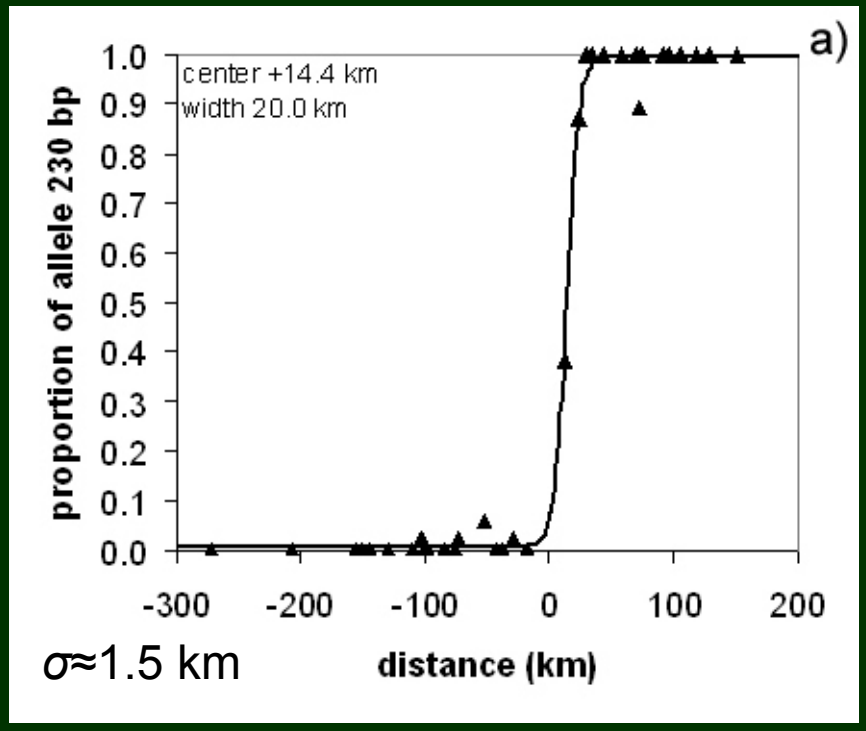
- **peľom**
- **semenami**





FOSSILVA, Liepelt *et al.* (2002)

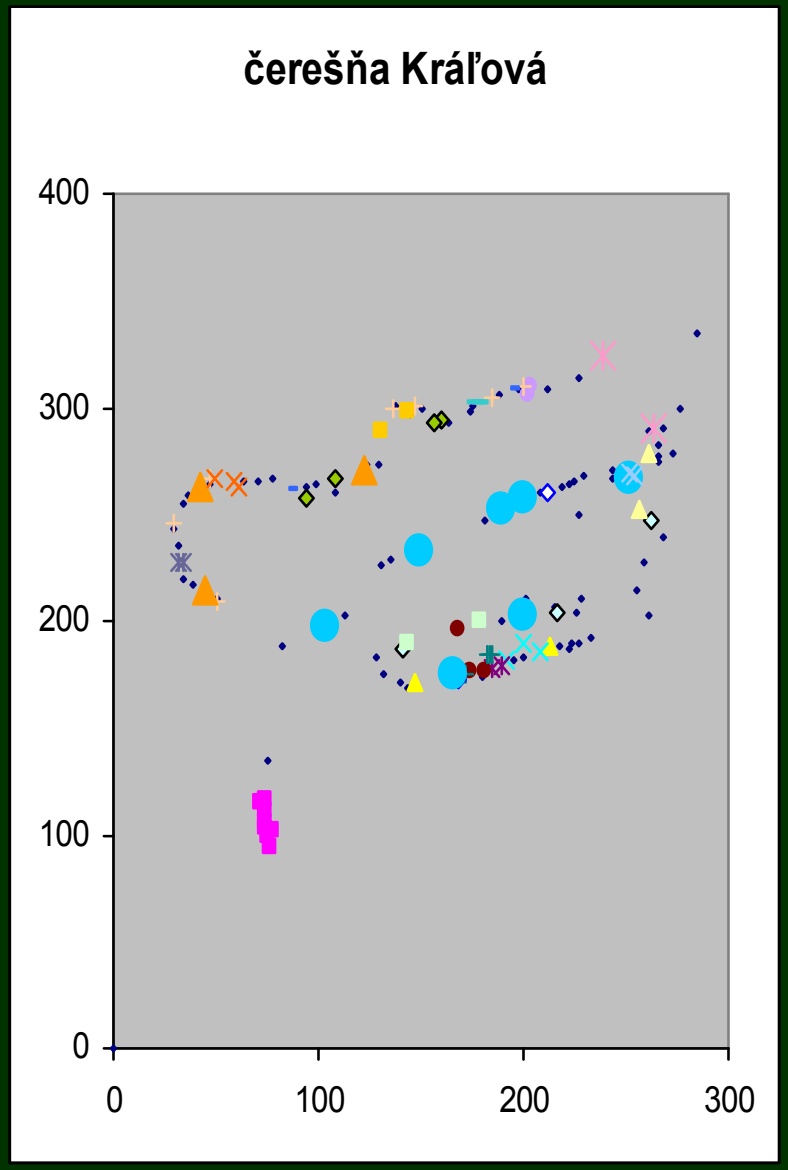

b)
center +17.1 km
width 164 km
proportion of gene pool 1
1.0
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0.0
-300
-200
-100
0
100
200
distance (km)
σ≈100 km


a)
center +14.4 km
width 20.0 km
proportion of allele 230 bp
1.0
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
0.4
0.3
0.2
0.1
0.0
-300
-200
-100
0
100
200
distance (km)
σ≈1.5 km

Migrácia
Prenos génov medzi populáciami

- **peľom**
- **semenami**
- **vegetatívne**
  - koreňovými výmladkami
  - hrúžením
  - zakorenením prenesenej časti

Migrácia



Migrácia

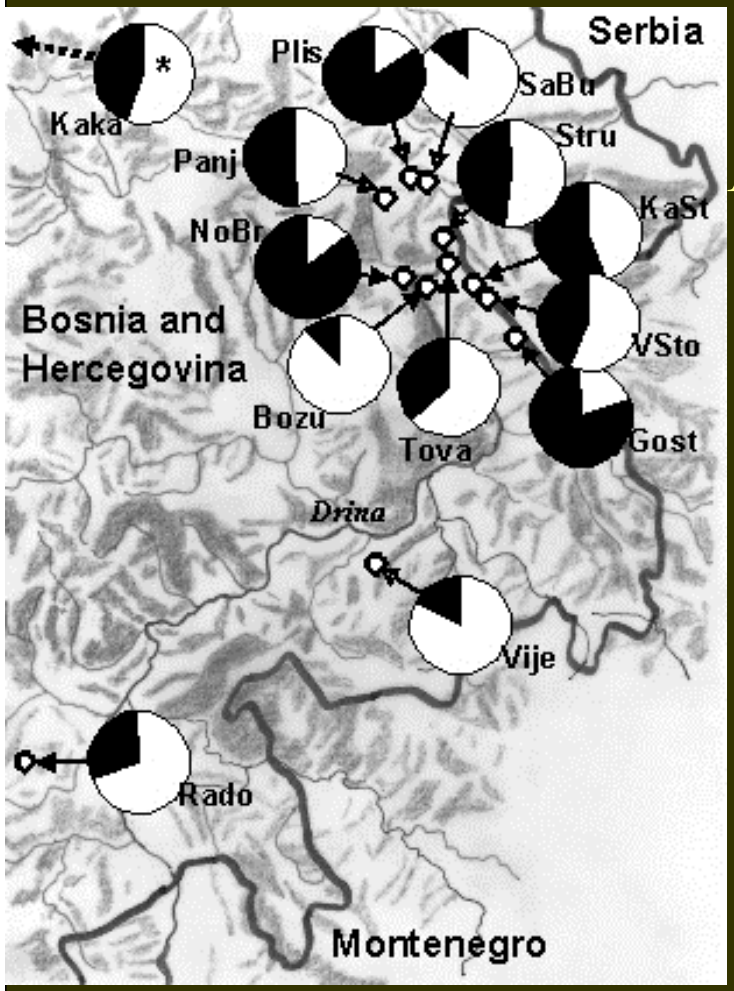
Živočíchy:

- prechod dospelých jedincov
- prenos v embryonálnom štádiu (vajíčka, ikry)
- prenos v haploidnom štádiu (spermie)

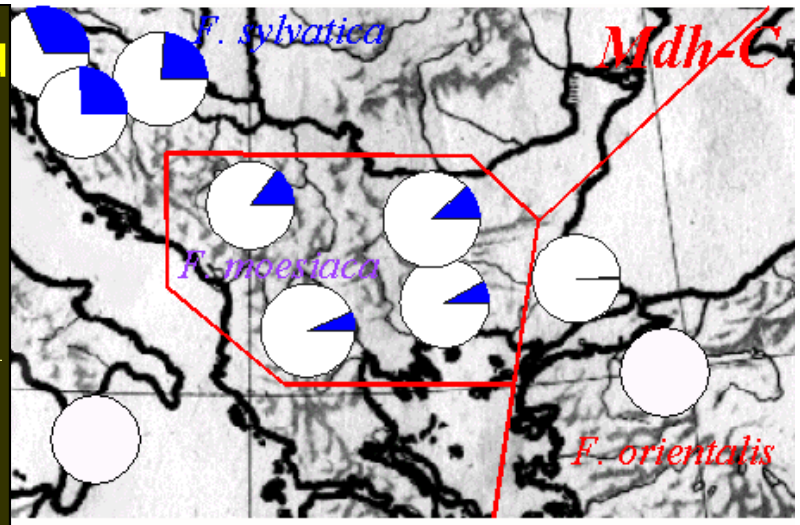
Izolácia

- geografická (v nespojitom areáli)
- vzdialenosťou (v spojitom areáli)
- fenologická
  - sezónny rytmus
  - denný rytmus
- výšková
- etologická (behaviorálna)
- genetická
  - prezygotické mechanizmy
    - gametofytická inkompatibilita
    - sporofytická inkompatibilita
  - postzygotické mechanizmy
    - embryonálna letalita (neklíčivosť hybridných semien)
    - sterilita hybridov
    - znížená životaschopnosť hybridov

geografická vzdialenosťou

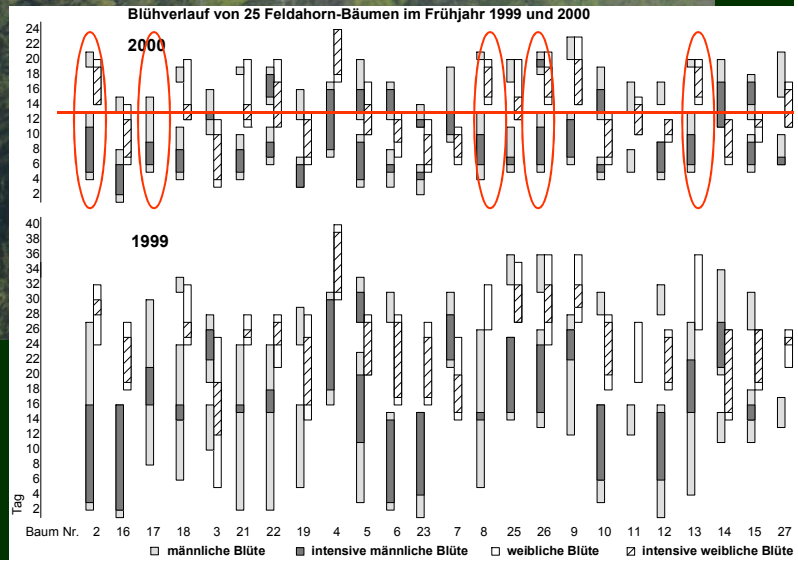


Fagus sylvatica
Balkán



Picea omorika
Bosna

výšková

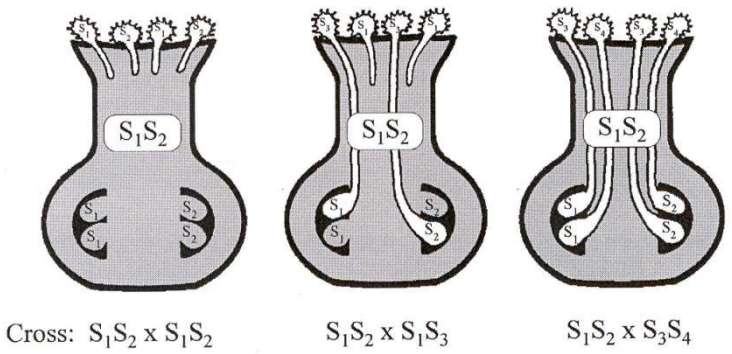


fenologická

Acer pseudoplatanus

sem. sad.

genetická – prezygotické mechanizmy



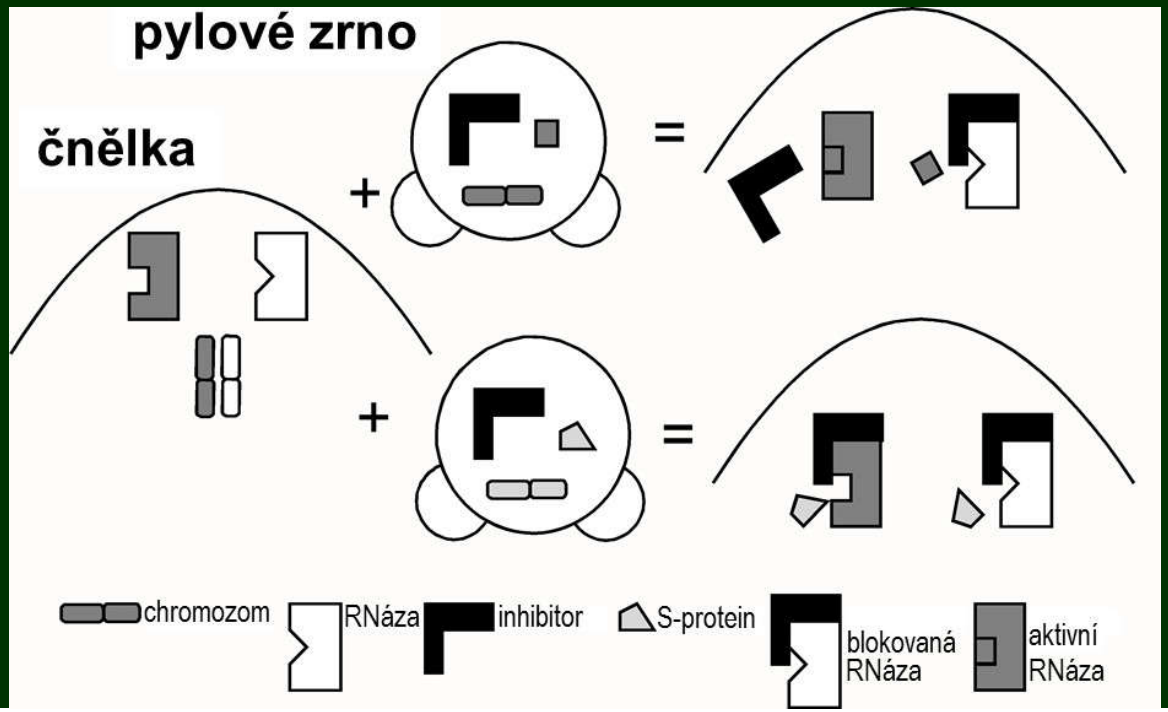
Gametofytická inkompatibilita

♀ ♂

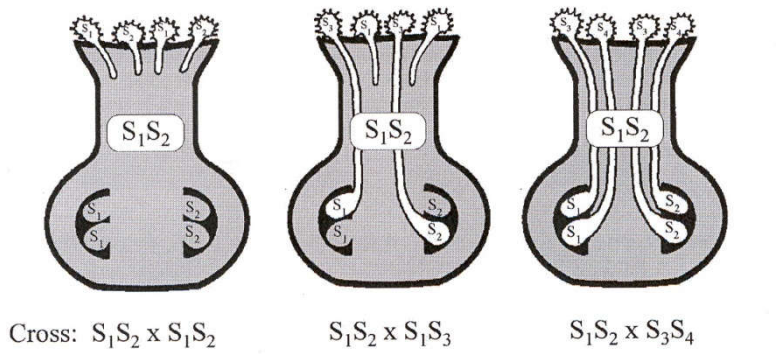
$S_1S_2 \times S_1S_2 \rightarrow 0$

$S_1S_2 \times S_1S_3 \rightarrow S_1S_3, S_2S_3$

$S_1S_2 \times S_3S_4 \rightarrow S_1S_3, S_2S_3, S_1S_4, S_2S_4$



genetická – prezygotické mechanizmy



Gametofytická inkompatibilita

♀ ♂

$S_1S_2 \times S_1S_2 \rightarrow 0$

$S_1S_2 \times S_1S_3 \rightarrow S_1S_3, S_2S_3$

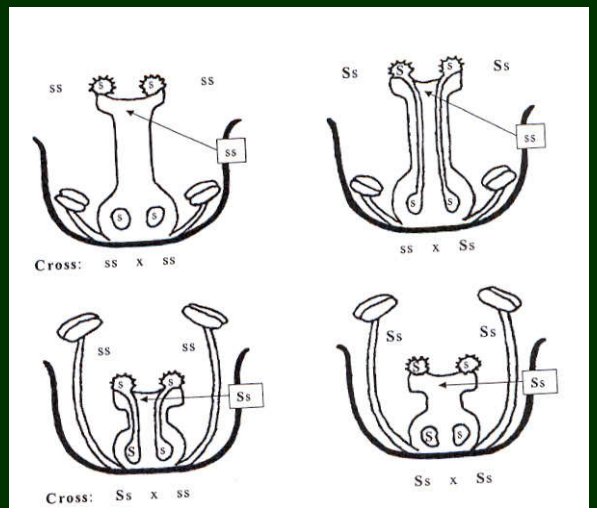
$S_1S_2 \times S_3S_4 \rightarrow S_1S_3, S_2S_3, S_1S_4, S_2S_4$

♀ ♂

$S_1S_2 \times S_1S_2 \rightarrow 0$

$S_1S_2 \times S_1S_3 \rightarrow 0$

$S_1S_2 \times S_3S_4 \rightarrow S_1S_3, S_2S_3, S_1S_4, S_2S_4$



Distylia

genetická – postzygotické mechanizmy

Príčiny:

- letálne alely
- rozdielne počty chromozómov
- rozdielna štruktúra chromozómov

Dôsledky:

- embryonálna letalita
- neživotaschopnosť hybridov
- sterilita hybridov

Mutácie

Zmena fenotypu, ktorá nie je vyvolaná segregáciou ani rekombináciou.

Miesto vzniku:
- gametické
- somatické (púčikové mutácie, rakovina)

Vyvolávajúci faktor:
- spontánne
- indukované

mutagény
- fyzikálne (UV, rtg, γ, korpuskulárne žiarenie...)
- chemické (kolchicín, alkylačné látky...)
- biologické (vírusy)

Úroveň:
- génové
- chromozómové
- genómové

Génové mutácie

Zmena kvality génu – sekvencie nukleotidov

– **bodové** (zámena nukleotidu)

transverzie (purínová ↔ pyrimidínová báza:
A↔C, A↔T, G↔C, G↔T)

tranzície (purínová ↔ purínová,
pyrimidínová ↔ pyrimidínová báza:
A↔G, C↔T)

zámena za nefunkčný nukleotid

– **posunové** (frameshift)

insercia (vloženie nukleotidu/ov)

delécia (vypadnutie nukleotidu/ov)

Dopad na fungovanie produktu génu:

Bodové

rôzny, závisí od pozície a druhu mutovaného nukleotidu

synonymné (väčšina mutácií na 3. pozícii kodónu)

CUU → CUC = Leu → Leu (identická aminokyselina)

nemeniace vlastnosti proteínu

CUU → AUU = Leu → Ile (neutrálna hydrofóbna → neutrálna hydrofóbna)

meniace vlastnosti proteínu

CUU → CGU = Leu → Arg (neutrálna hydrofóbna → bázická hydrofilná)

CAG → GAG = Gln → Glu bázická hydrofilná → kyslá hydrofilná)

Dopad na fungovanie produktu génu:

Posunové

závažný, spravidla spôsobujú nefunkčnosť produktu génu

Posun čítacieho rámca

Pôvodný gén	
DNA	...TGGATGAGGAGGATCATGAGGAAA...
mRNA	...ACCUACUCCUCCUAGUACUCCUUU...
proteín	...**ThrTyrSerSerTyrTyrSerPhe**...
Insercia	...TGGAT**A**GAGGAGGATCATGAGGAAA...
	...ACCUA**U**CUCCUCCUAGUACUCCUUU...
	...**ThrTyrLeuLeuLeuValLeuLeu**....
Delécia	...TGGAT-AGGAGGATCATGAGGAAA...
	...ACCUA-UCCUCCUAGUACUCCUUU...
	...**ThrTyr ProProSerTrePro**.....

Úplná zmena polypeptidového reťazca od miesta mutácie

Predčasné ukončenie translácie (terminačný kodón)

Chromozómové mutácie

Zmena štruktúry chromozómu – spravidla zasahuje viacero génov – zmena kvantity alebo usporiadania génov

Duplikácia

Delécia

Inverzia

Translokácia

Chromozómový zlom/fúzia chromozómov

Chromozómové mutácie

Génové rodiny – skupiny tandemovo multiplikovaných génov
Génová dávka (počet funkčných génov v rámci génovej rodiny) môže ovplyvňovať funkčnosť organizmu.

Pseudogény – sekvencie v rámci chromozómu identické so sekvenciami funkčných génov, ale neexprimované (gény umlčané génovou mutáciou v regulačnej oblasti).

Duplikácia – zdroj nových génov s novými funkciami

Často vedú k reprodukčnej izolácii

Genómové mutácie

Zmena veľkosti genómu (ploidie)

základný počet chromozómov v haploidnej bunke – n
v diploidnej bunke – $2n$

aneuploidia – zmena zastúpenia jedného alebo niekoľkých chromozómov

úbytok chromozómu – monozómia ($2n - 1$, $2n - 2$...)

zdvojenie chromozómu – trizómia ($2n + 1$, $2n + 2$...)

euploidia – zmena počtu chromozómových sád (**polyploidia**)

triploidia ($3n$), tetraploidia ($4n$), hexaploidia ($6n$)...

Genómové mutácie

Vznik polyploidie – spojenie neredukovaných (diploidných) gamét (teplotný šok počas meiózy, chemické zablokovanie deliaceho vretienka napr. kolchicínom a pod.)

Typy polyploidie:

Autopolyploidia – znásobenie rovnakých chromozómových sád (diploid AA → neredukované gaméty AA → tetraploidné potomstvo AAAA)
gigantizmus (triploidná osika), zakrpatený rast (väčšina tetraploidov), sterilita (problémy pri meióze s párovaním homologických chromozómov – vznik trivalentov a monovalentov: AAA+A)

Allopolyploidia

Genómové mutácie

Allopolyploidia – spojená s hybridizáciou

- spojenie neredukovaných gamét rôznych príbuzných druhov,
- polyploidizácia homoploidného hybrida

Druh A → neredukované gaméty AA
Druh B → neredukované gaméty BB
→ allotetraploid AABB

Druh A → normálne haploidné gaméty A
Druh B → normálne haploidné gaméty B
→ homoploidný hybrid AB
polyploidizácia (zdvojenie chromozómových sád)
→ allotetraploid AABB

Genómové mutácie

Allopolyploidia

Hybridy odlišné od rodičovských druhov, spravidla zaraďované k novým taxónom, spravidla apomiktické, občas fertilné (funkčné diploidy: pri meióze sa párujú len chromozómy rovnakého rodičovského pôvodu, teda vznikajú len bivalenty AA+BB)

Polyploidné rady v rámci rodov resp. čeľadí

základný počet chromozómov v rámci rodu resp. vyššieho taxónu – 2*x*

Pri lesných drevinách najčastejšie *x* = 7 resp. 12