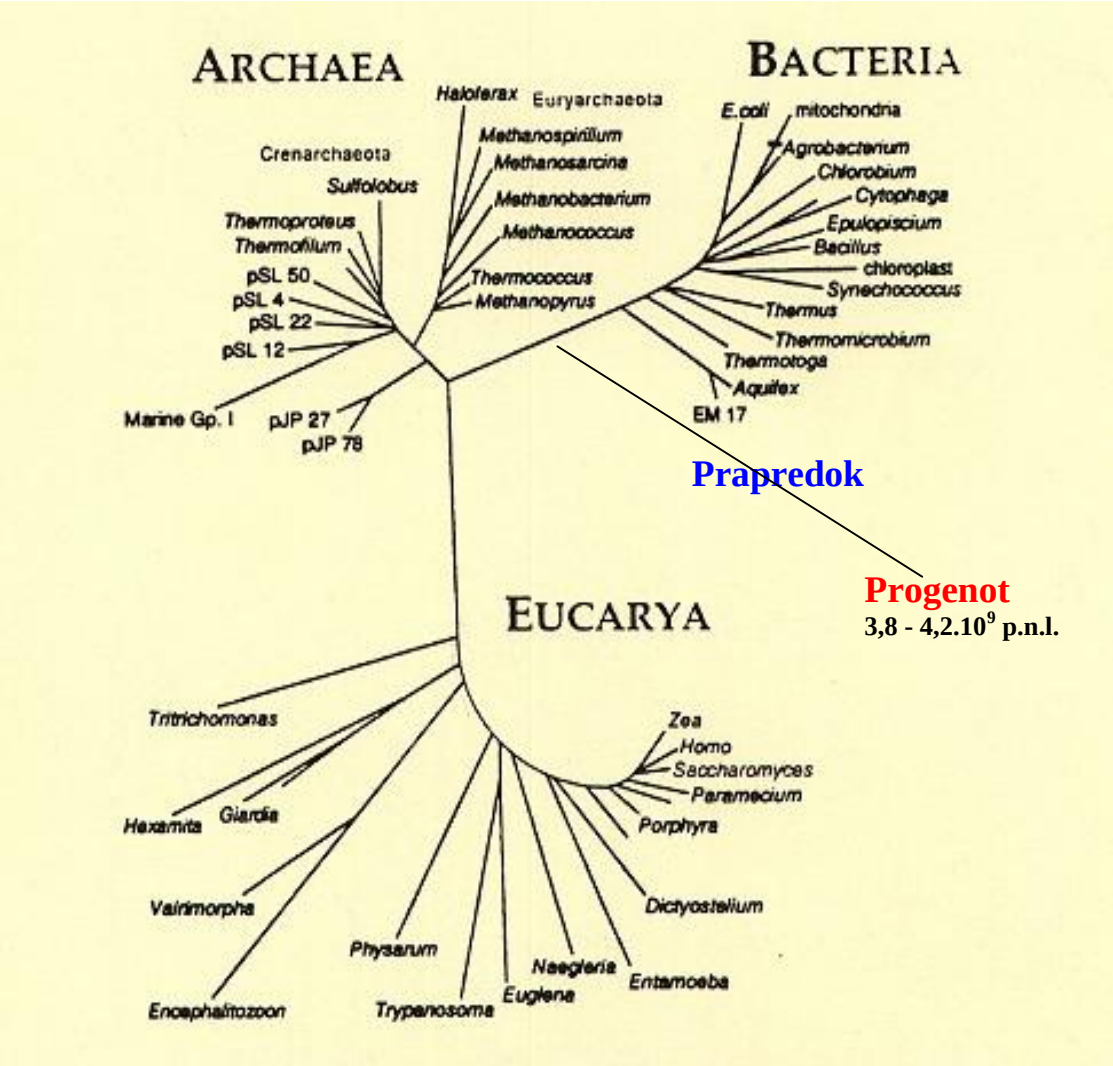
P3/1

Bunkové živé sústavy

(jednobunkové a mnohobunkové organizmy, vykazujú všetky základné životné funkcie, sú schopné realizovať prenos genetickej informácie - replikáciu, transkripciu a transláciu, obsahujú všetky zložky translačného systému: aminoacyl-tRNA-syntetázy, tRNA a ribozómy, sú autonómne) typove ich rozdeľujeme na
prokaryotické (prokaryota, vykazujú dve domény: baktérie a archea) a
eukaryotické (eukaryota, vykazujú jednu doménu eukarya)

Univerzálny fylogenetický strom života zostavený na základe analýzy nukleotidovej sekvencie 16S-rRNA a 18S-rRNA asi 2000 rôznych druhov znázorňujúci tri základné bunkové línie života



Nebunkove živé sústavy

(víry a viroidy, závisle na translačnom systéme hostiteľa, na vírusovom genofore nie sú gény pre rRNA, tRNA a gény pre syntézu ribozomálnych proteínov, bunkový parazit)

P3/2

Štruktúra prokaryotickej bunky je rozlíšená na jadro (vždy obsahuje kruhovú dsDNA, nie je ohraničené membránou, nedelí sa mitoticky, prokaryotické jadro-nukleid), cytoplazmu a cytoplazmatickú membránu. Prokaryotické bunky neobsahujú mitochondrie a chloroplasty, ich ribozómy obsahujú tieto druhy rRNA: 5S-, 16S-, 23S-. Sedimentačný koeficient prokaryotických ribozómov je 70S.

Baktérie (B*acteria*, eubaktérie-E*ubacteria*, patria sem aj sinice) majú tieto spoločné znaky:

- **16S-rRNA obsahuje sekvencie špecifické len pre baktérie a sekvencie podobné 18S-rRNA eukaryotov a 16S-rRNA archaea**
- **majú bunkovú stenu (peptidoglygan, mureín, okrem mykoplaziem)**
- **lipidy cytoplazmatickej membrány sú estermi glycerolu a vyšších mastných kyselín**
- **pri syntéze polypeptidového reťazca je prvou AMK N-formylmetionín**
- **formou výživy sú autotrofné (fotoautotrofné alebo chemoatotrofné) alebo heterotrofné (fotoheterotrofné alebo chemoheterotrofné). Pokiaľ sú fotoautotrofné, tak uskutočňujú anoxigénnu fotosyntézu (neuvoľňujú pri fotosyntéze molekulárny kyslík). Len sinice uskutočňujú fotosyntézu oxigenného typu.**

Archea (A*rchaea*, archebaktérie-*Archaebacteria)* sa líšia od baktérií v týchto znakoch:

- **ich 16S-rRNA obsahuje sekvencie špecifické len pre archea a tiež sekvencie podobné 18S-rRNA eukaryotov a 16S-rRNA baktérií**
- **základnou zložkou bunečných stien je pseudopeptidoglykan a pseudomureín**
- **väzba medzi glycelorom a mastnými kyselinami je éterová, diéterové lipidy tvoria dvojvrstvovú membránu, tetraéterové vznikajú spojením dvoch vrstiev do jednej**
- **gény prepisované do tRNA a rRNA obsahujú intróny**
- **ich translácia je podobná bakteriálnej a čiastočne aj pôvodnej eukaryálnej**

Archea vykazujú vlastnosti prokaryotického typu buniek ale sú evolučne bližšie k organizmom eukaryotického typu buniek (niektoré zložky mechanizmu replikácie, transkripcie a translácie)

P3/3

Štruktúra eukaryotických buniek je rozlíšená tiež na jadro (zreteľne ohraničené jadernou membránou, eukaryotické jadro), cytoplazmu a cytoplazmatickú membránu. Od baktérií a archeí sa odlišuje hlavne:

- **jadro je tvorené chromatínom (komplex dsDNA:históny:proteíny nehistónovej povahy), chromozómy obsahujú lineárnu dsDNA, delenie jadra je mitotické-rozdelenie do dcérskych buniek**
- **bunková stena obsahuje celulózu (rastliny), chitín (huby), živočíšne bunky nemajú bunkovú stenu**
- **obsahujú organely: mitochondrie, rastlinné b. aj plastidy-chloroplasty, oddelelené od cytoplazmy membránou, obsahujú aspoň jednu molekulu kruhovej dsDNA, v mitochondriách prebieha oxidatívna fosforylácia-vznik ATP, v chloroplastoch prebieha fotosyntézza za účasti chlorofylu**
- **ďalej obsahujú endoplazmatické retikulum Golgiho aparát, lyzozómy**
- **rozmnožovanie nepohlavne u jednobunkových eukaryotov a pohlavne u viacbunkových**
- **bunky mnobunkových eukaryotov sú zreteľne diferencované podľa štruktúry, morfológie a fyziologickej funkcie. Diferenciácia prebieha počas ontogenézy mnohobunkového organizmu**

Medzi eukaryoty zahrňujeme:

rastliny (*Plantae*), huby (*Fungi*), živočíchy (*Animalia*), prvoky (*Protozoa*)

U eukaryot zaznamenávame určité rozdiely v mechanizme prenosu genetickej informácie, čo súvisí hlavne s diferenciáciou buniek počas ontogenézy rastlinného a živočíšneho organizmu. S tým súvisí i štruktúra génov, ktoré obsahujú intróny.

P3/4

Genofor

je štruktúra obsahujúca gény zoradené za sebou (DNA: prokaryonty, eukaryonty, DNA vírusy alebo RNA: RNA vírusy) schopná replikácie. Genofory nachádzajúce sa v jadre bunky označujeme ako chromozómy. Genofory sú homologické (obsahujú rovnaké väzbové skupiny) alebo nehomologické.

Alela

je varianta toho istého génu, ktorý sa čiastočne odlišuje v nukleotidovej sekvencii (homoalely-odlišujú sa na rovnakom mieste jedným alebo viacerými N, heteroalely)

Genóm

predstavuje súhrn všetkých génov bunky alebo vírusu (môže byť rozdelený do viacerých organel: jadro, mitochondrie, chloroplasty. Usporiadanie génov v genóme označujeme ako štruktúru-organizáciu genómu

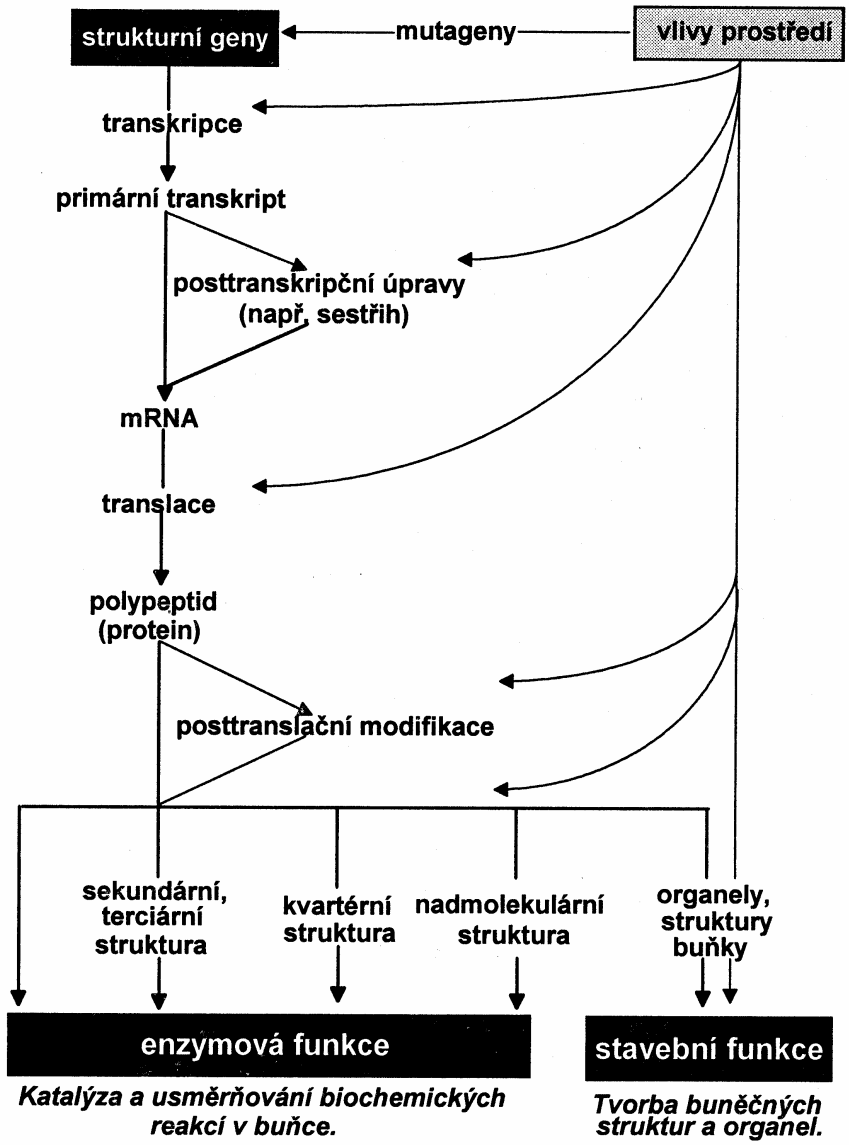
Genotyp reprezentuje genetickú zostavu aliel organizmu. Súbor znakov a vlastností, ktorými sa v danom prostredí genotyp organizmu prejavuje sa označuje ako fenotyp

Expresia génu

predstavuje u štrukturálneho génu vyjadrenie jeho genetickej informácie do primárnej štruktúry a funkcii proteínu, u génu pre funkčnú RNA vyjadrenie jej genetickej informácie do primárnej štruktúry a funkcii RNA neurčenej k translácii, u regulačnej oblasti vyjadrenie jej genetickej informácie v schopnosti interagovať s určitými proteínmi

P3/5

Vplyv prostredia na expresiu štrukturálnych génov



Prostředí může ovlivnit stupeň (míru) exprese strukturních genů na všech stupních procesu přenosu genetické informace včetně její realizace v primární struktuře proteinů.
Genetická informace ve strukturních genech se však tím nemění.
Může se změnit toliko zásahem mutagenů.
Vlivy prostředí (vyjádřeno šipkami)
jen zastavují, zpomalují nebo urychlují expresi genů.

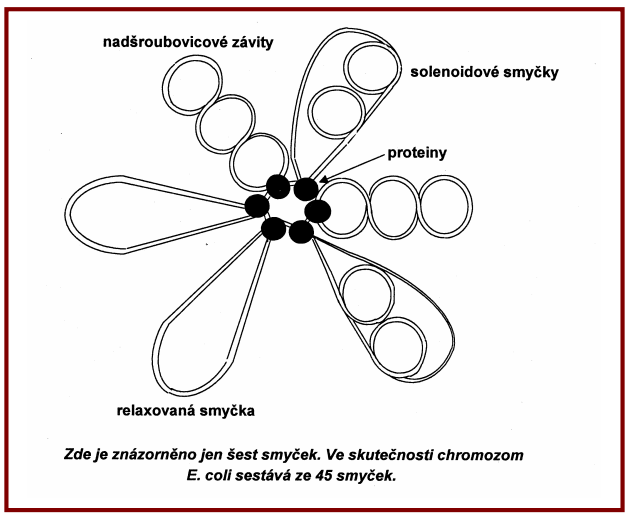
P3/6

Štruktúra prokaryotického genómu

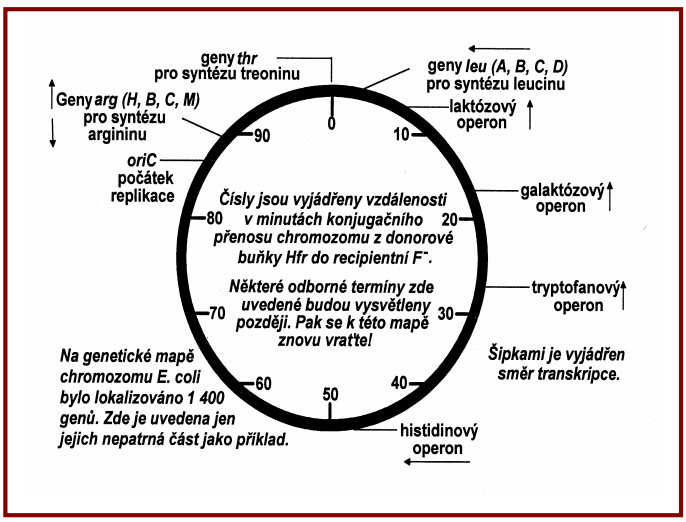
Baktérie- prokaryotické jadro- nukleoid- dsDNA- jeden genofor- prokaryotický chromozóm alebo plazmid (mimochromozomálny genofor, ktorý môže bunka aj postrádať)

Nukleoid je zložený z DNA a proteínov (podobné histónom-HLP-proteíny-H2A, proteíny nehistónovej povahy), nenachádza sa v bunke voľne ale je na viacerých miestach pripojený k cytoplazmatickej membráne (oriC-začiatok replikácie)

Prokaryotický chromozóm tvorí väčšinou kruhová dsDNA (*E. coli*, m.h. $3{,}0.10^9$, hrúbka 2nm, dĺžka 1360 mm, obsahuje $4{,}6.10^6$ nukleotidových párov, replikón-jeden začiatok replikácie, nadzávitnica-45 slučiek-relaxované slučky, selenoidné slučky.



Zde je znázorněno jen šest smyček. Ve skutečnosti chromozom E. coli sestává ze 45 smyček.

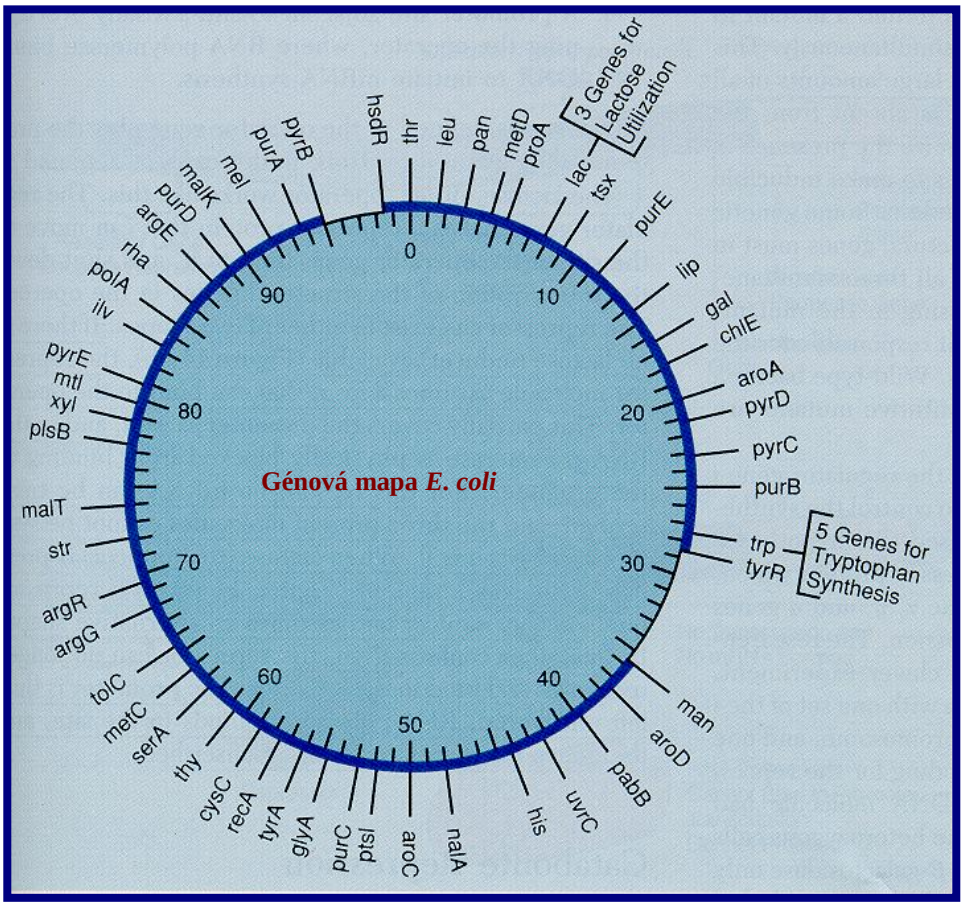


Plazmidy, kruhové dsDNA replikóny, obsahujú miesta ori, Ins (miesto pripojenia k membráne bunky), konjugatívne plazmidy, F-plazmid, R-plazmidy

P3/6-1



kruhová DNA - R plazmid (zväčšenie 82 000x)



P3/7

Štruktúra eukaryotického genómu

živočíšne bunky (jadro, mitochondrie), rastlinné bunky (jadro, mitochondrie, chloroplasty)

jadro obsahuje chromozómy, každý chromozóm obsahuje jednu dsDNA-chromofor-chromozómová DNA alebo jadrová DNA (nDNA), jadrové gény, mitochondrie a chloroplasty obsahujú len malú časť genoforu, kruhová DNA, (mtDNA, ctDNA)

...eukaryotický chromozóm je zložitá štruktúra, ktorá sa mení v závislosti na fyzikálnom a chemickom stave chromatínu (jadrovej hmoty), ktorý môže byť v kondenzovanom stave (zhustenom, heterochromatín, transkripčne neaktívny) alebo dekondenzovanom stave (slabo zhustenom, euchromatín, transkripčne aktívny) ...

...chromatín v interfáze je dekondenzovaný, 10nm (izolácia jadier pri nízkej koncentrácii KCl) alebo 30 nm (izolácia jadier pri 0,15 M KCl) chromatínové vlákna ... chromatín v mitotickej fáze (silne kondenzovaný, mitotické alebo metafázne chromozómy)...

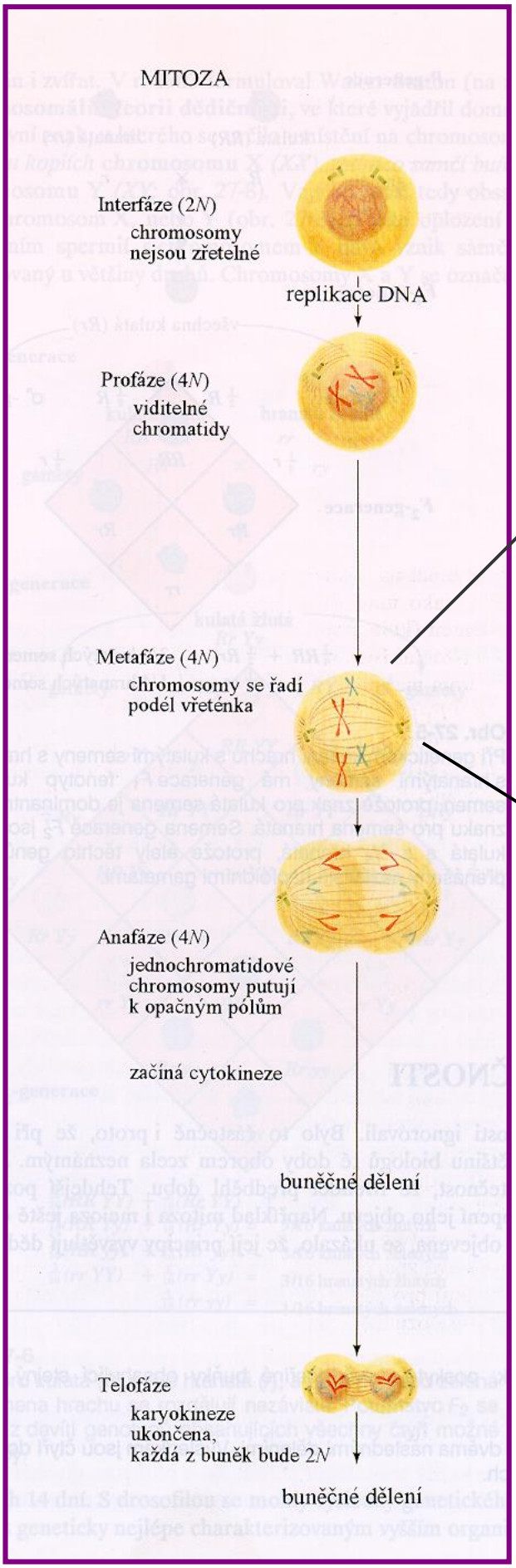
Chemické zloženie chromatínu:

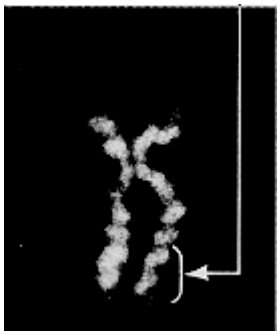
Históny, štruktúra - stred glubulárny, konce vláknité (Lyz /Arg), 5 druhov histónov: H1 59/3, H2A-d 13/13, H2B-d 20/8, H3-t 13/17, H4-t 11/14.

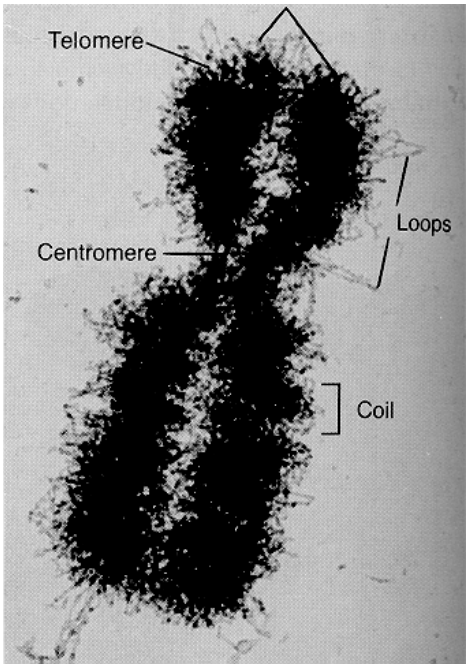
Nehistónové proteíny, RNA-polymeráza, transkripčné proteíny, HMG1 a HMG2 (proteíny s vysokou pohyblivosťou viažu sa na DNA), HMG14 a HMG17 (viažu sa na jadro nukleozómu)

Nukleozóm je základná jednotka chromatínu: oktamér histónov (H2A, H2B, H3, H4)$_2$, jednu molekulu H1, 200 bp úsek DNA, ktorý tvorí dve otáčky okolo histonóveho oktaméru

P3/7-1

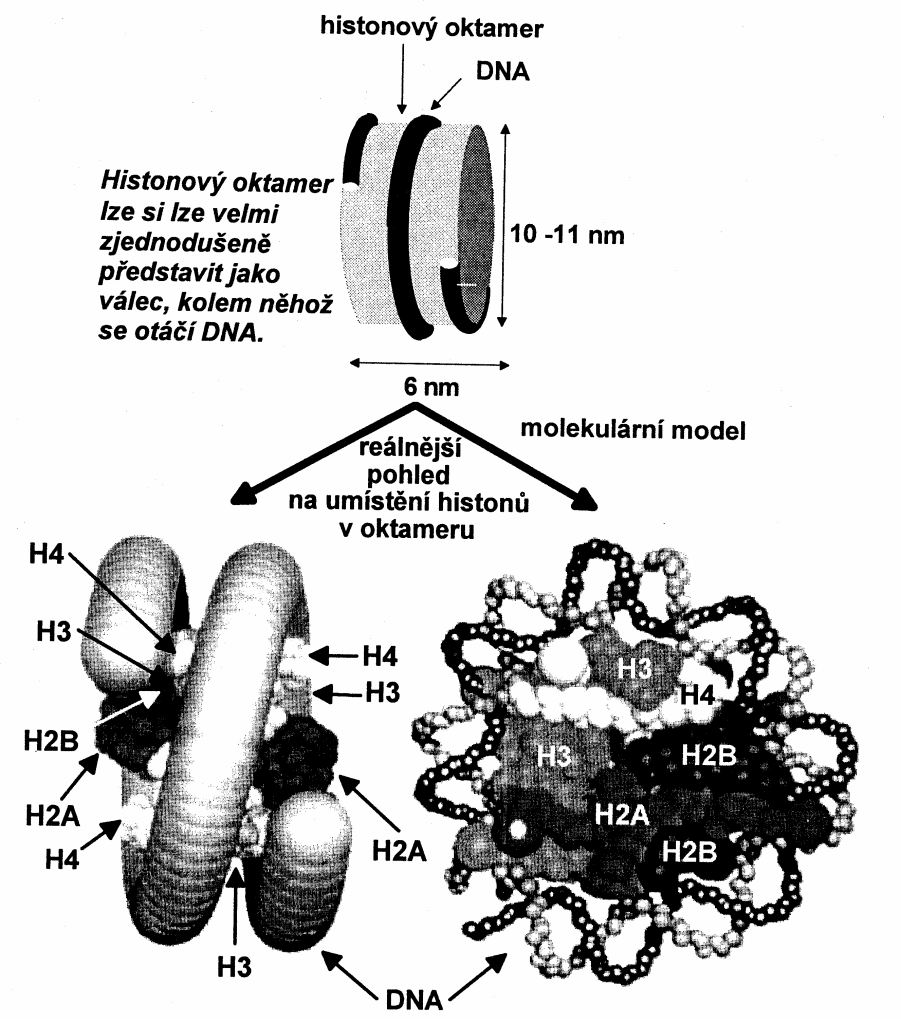


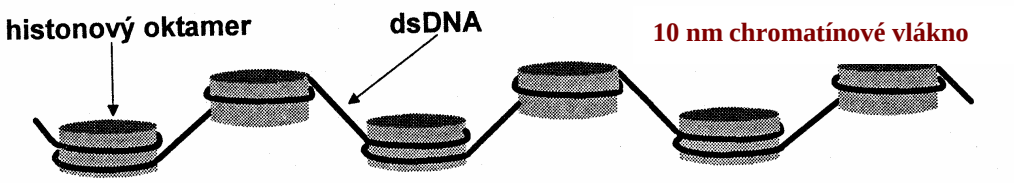


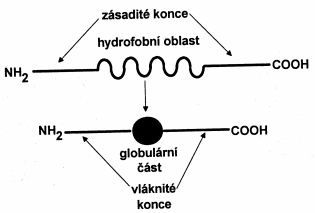


zväčšenie 20 000x

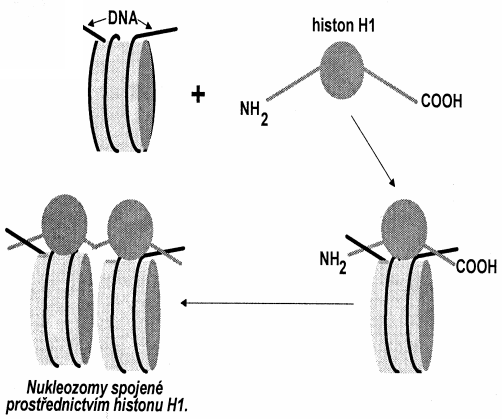
P3/8





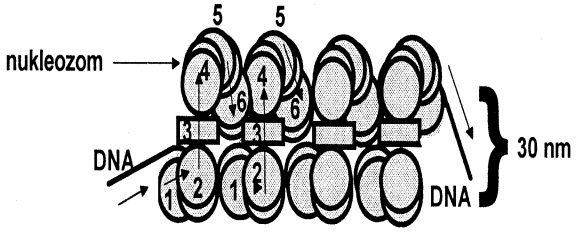


ředí může ovlivnit stupeň (míru)
h stupních procesu přenosu ge



Nukleozomy spojené prostřednictvím histonu H1.

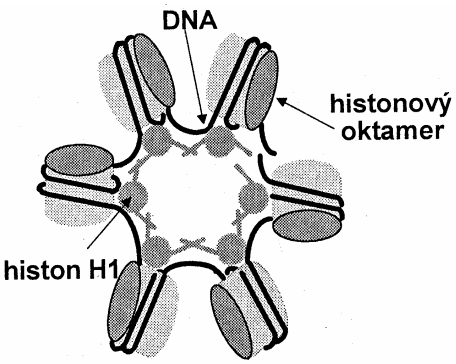
1 otáčka selenoidu - 6 nukleozómov



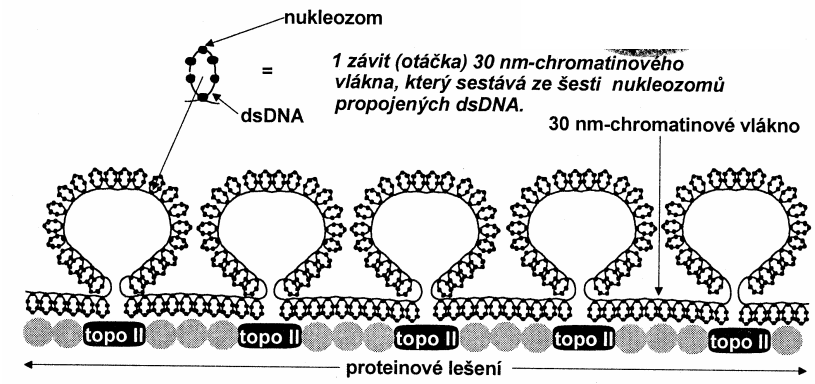
Histon H1 je vynechán.

Pro snadnější orientaci jsou nukleozomy prvního a druhého závitu číslovány a šipky ukazují na směr závitu či otáčení.

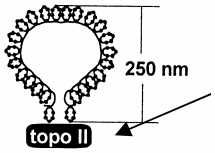
P3/9



Z obrázku je zřejmé, že molekuly histonu H1 udržují stabilitu šestice nukleozomů připadající na jeden závit (otáčku). Všimněte si též, že DNA tvoří kolem histonových oktamerů solenoid.



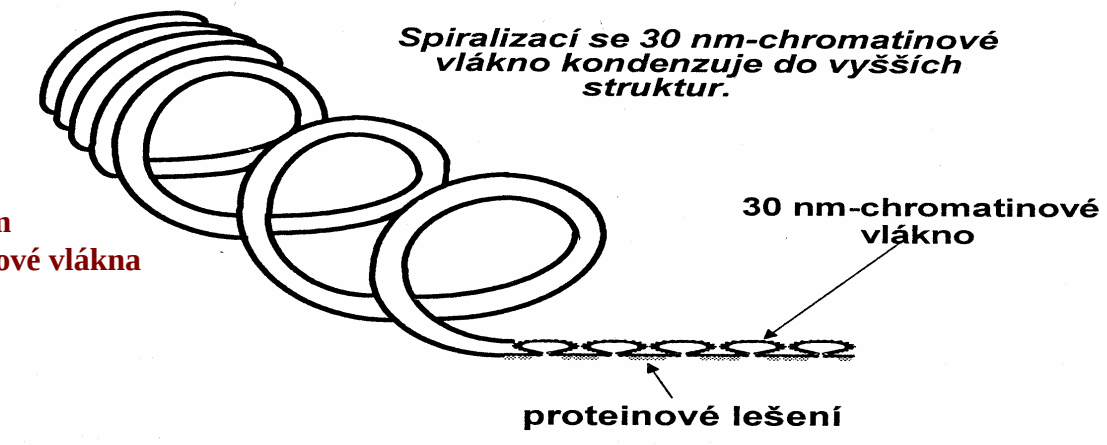
chromatinová doména
(chromatinová smyčka)



pri replikácii a transkripcii mení topologický stav DNA

Tento obrázek je idealizujícím schématem. Chromatinové domény nejsou stejně velké. Jejich délka je 60 - 150 kb.

proteínové lešenie: topoizomeráza II, HMG proteíny, transkripčné faktory, polymerázy
chromatínová doména: prebieha v nich transkripcia, 1-viac transkripčných jednotiek, nezávislý replikón,

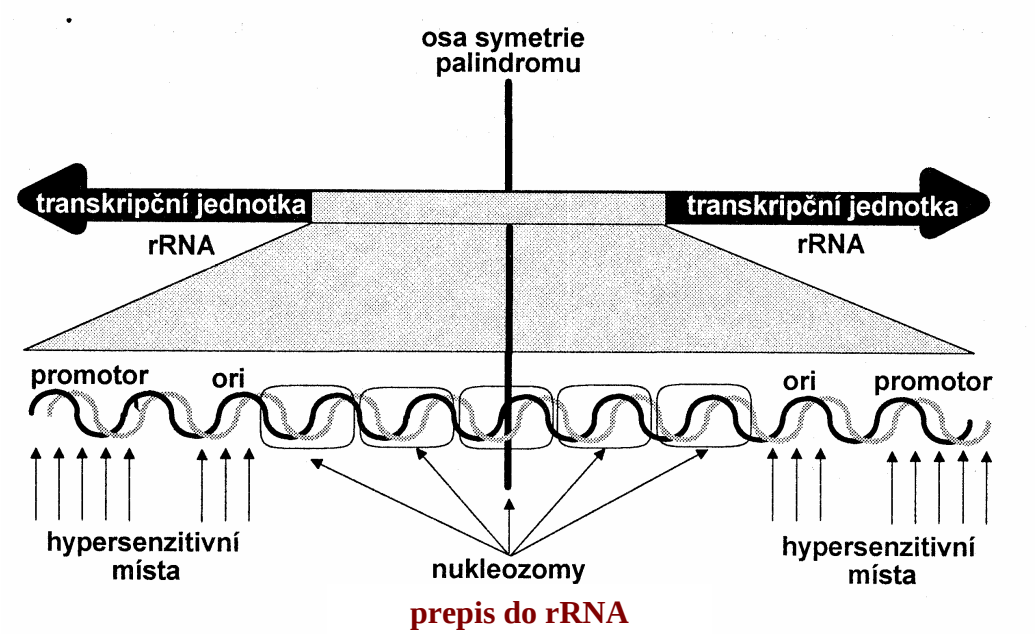


600-700 nm chromatínové vlákna

v mitotickom chromozóme je chromatín najviac kondenzovaný a je transkripčne neaktívny.

P3/10

Hepersenzitívne miesta, úseky nukleozómového reťazca (50-200bp), ktoré nie sú pokryté nukleozómami sú 100x citlivejšie k DNAázeI ako ostatné úseky, sú konštitutívne alebo indukovateľné.



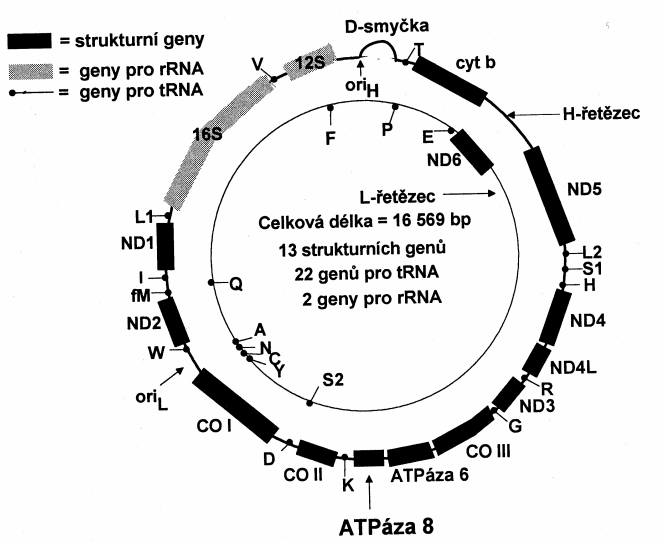
prepis do rRNA
Tetrahymena pyriformis

Eukaryotická chromozómová (jadrová) DNA: lineárna dsDNA, štrukturálne gény predstavujú len 10% ($1,0x10^4$ až $2,0x10^6$ bp) z celého genómu, obsahuje repetície (krátke-tandemové-5SrRNA-tRNA-históny, rozptýlené-tRNA, snRNA, génové), génové rodiny (skupina sekvenčne príbuzných génov, ktoré majú spoločný evolučný pôvod a rovnakú biologickú funkciu), pseudogény.

<u>Funkčné zložky chromozómu:</u> centroméra (zaisťuje segregáciu chromozómu do dcérskych buniek počas mitózy a meiózy), teloméra (riadi pri replikácii dokončenie syntézy dcérskych DNA reťazcov chromozómu, telomerické konce), telomeráza (EC.2.7.7,-.... špecifická DNA polymeráza, ktorá pripojuje telomerické sekvencie k 3´- koncom chromozómovej DNA).

P3/11

Mitochondriový genofor: lineárna alebo kruhová dsDNA (mtDNA, 16-2000 kb, u živočíchov kóduje max. 36 proteínov), pomerne vysoká variabilita medzi organizmami.



Usporiadanie génov na DNA mitochondrií človeka

Organizmy	Velikost v bp	Struktura	Charakteristika
Buňky více-buněčných živočichů	1,6 až 2,0 x 10^4	kružnicová	každý živočišný druh má svůj vlastní typ mtDNA
Buňky vyšších rostlin	2,5 x 10^5 až 2,0 x 10^6	kružnicová nebo lineární	pozoruhodná variabilita ve velikosti, struktuře a genetické organizaci nejen mezi druhy, ale také u stejného organizmu, a tedy i ve stejné buňce
Prvoci	3,0 x 10^4 až 6,0 x 10^4	kružnicová nebo lineární	rozdíly mezi druhy
Kvasinky	2,0 x 10^4 až 1,0 x10^5	kružnicová	jednotná uvnitř stejného druhu, ale rozdíly mezi druhy

Mitochondriová DNA rôznych skupín organizmov

P3/12

Celková charakteristika ľudského genómu

	Jaderná složka genomu	Mitochondriový genofor
Velikost	$3{,}0 \times 10^9$ kb	$1{,}66 \times 10^4$ kb
Počet molekulárních druhů dsDNA, tj. DNA lišících se navzájem v primární struktuře	23 v buňkách XX 24 v buňkách XY všechny jsou lineární	jedna kružnicová molekula dsDNA
Celkový počet molekul dsDNA na buňku	23 v haploidních buňkách 46 v diploidních buňkách	$\sim 10^3$
Sdružené proteiny	histony a nehistonové proteiny	většinou bez proteinů
Genová hustota	1 gen na 40 kb	1 gen na 0,45 kb
Repetitivní DNA	značná část	velmi malá část
Transkripce	většina genů se přepisuje jednotlivě	více genů se přepisuje do jednoho primárního transkriptu
Introny	většina genů	žádný gen
Dědičnost	mendelistická pro sekvence na X a autozomy, otcovská pro sekvence na Y	jen mateřská
Počet genů	65 000 - 80 000	37
Průměrný počet genů na genofor	3000	37
Velikost genu	10 - 15 kb	
Vzdálenost mezi geny	25 - 30 kb	

P3/13

Chloroplastový genofor: kruhová dsDNA (ctDNA, 120-210 kb), obsahuje gény pre rRNA, tRNA, ribozómové proteíny, RNA polymeráza, proteíny fotosyntézy.

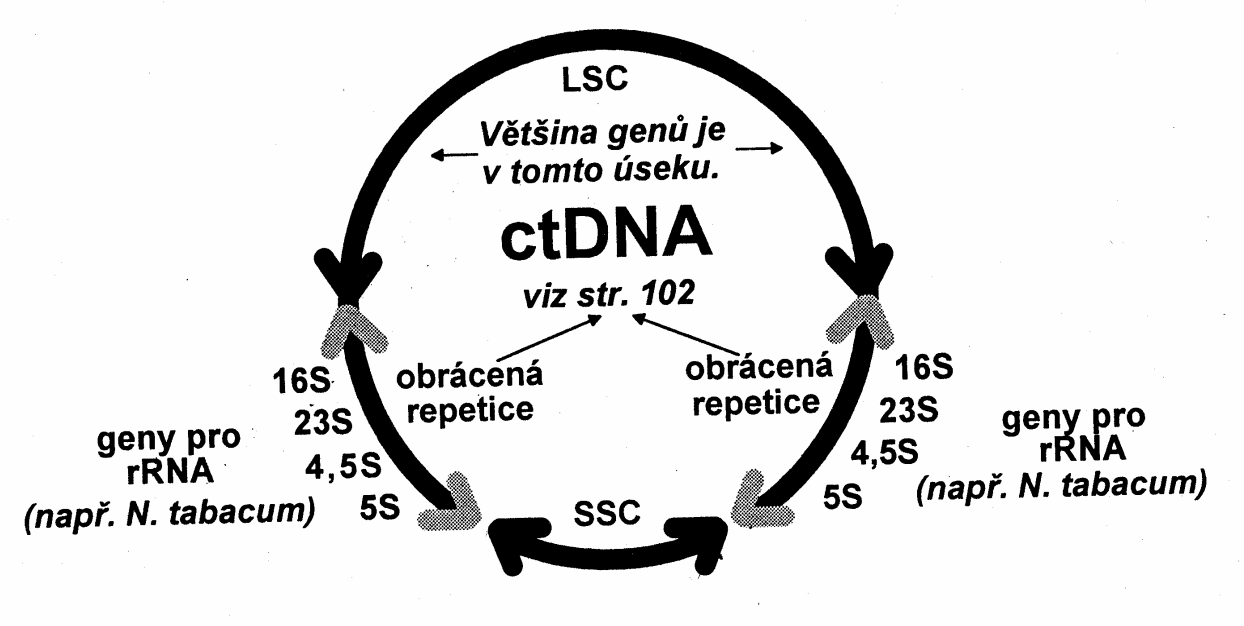


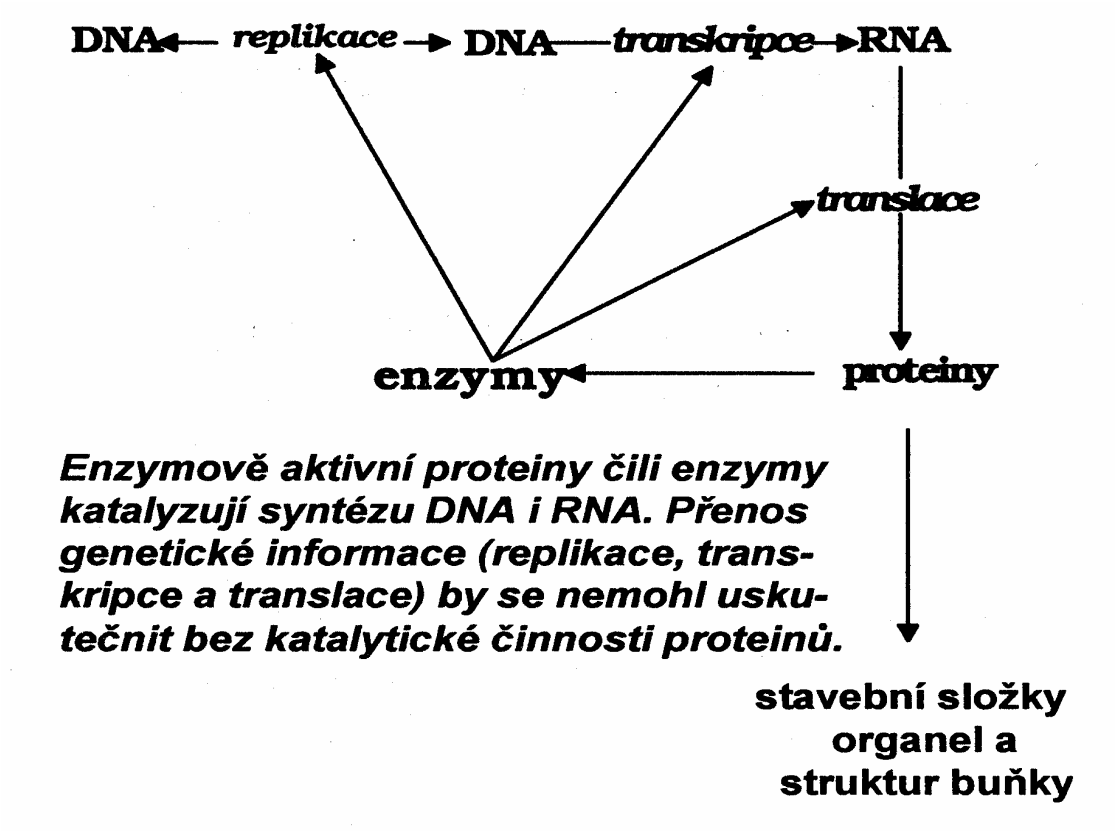
Schéma organizácie génov na chloroplastovom genofore

P3/14

Genetická informácia

(jedinečná, dedičná)

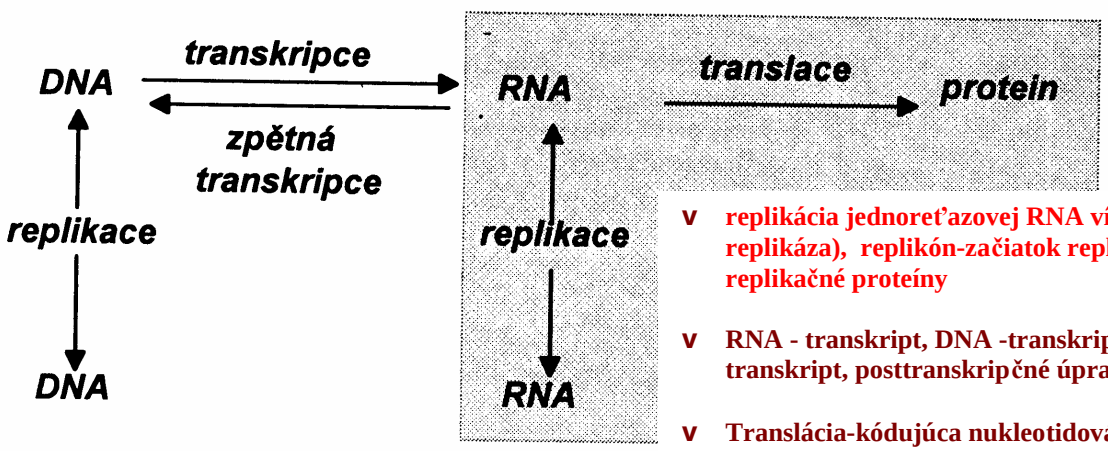
sa zapisuje v organizme vo forme primárnych sekvencií nukleotidov v DNA (A,T,G,C) alebo RNA (A,U,G,C), pričom môže obsahovať informácie o primárnej štruktúre proteínov, v DNA sekvenciách informácie o primárnej štruktúre biologicky funkčných RNA (tRNA, rRNA,..), v RNA sekvenciách informácie o primárnej štruktúre DNA. DNA i RNA sekvencie môžu obsahovať informácie aj o väzbe špecifických proteínov k týmto sekvenciám.



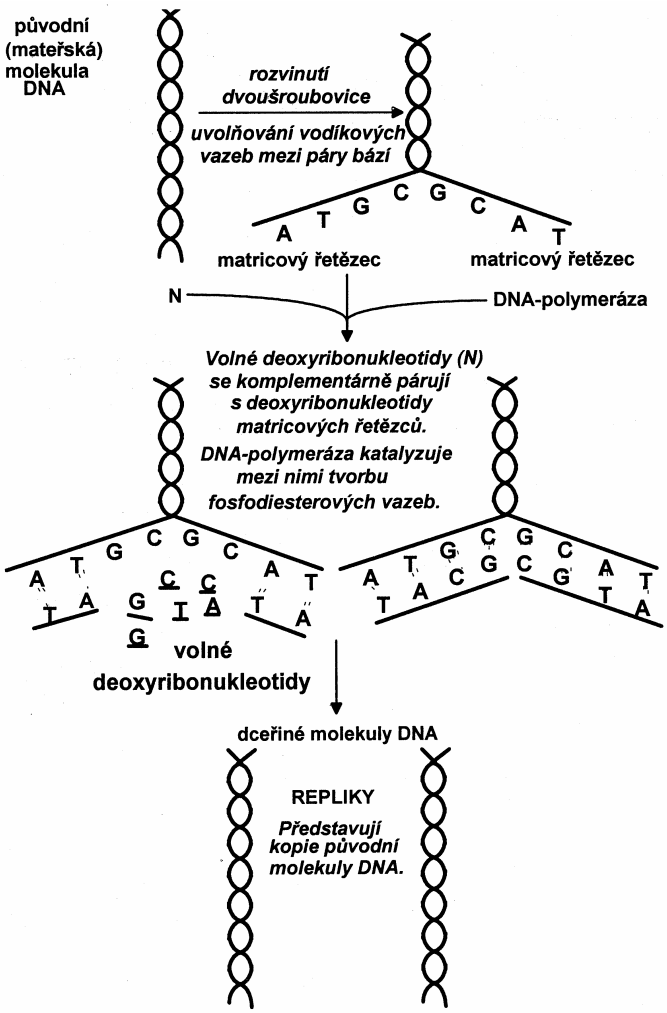
P3/15

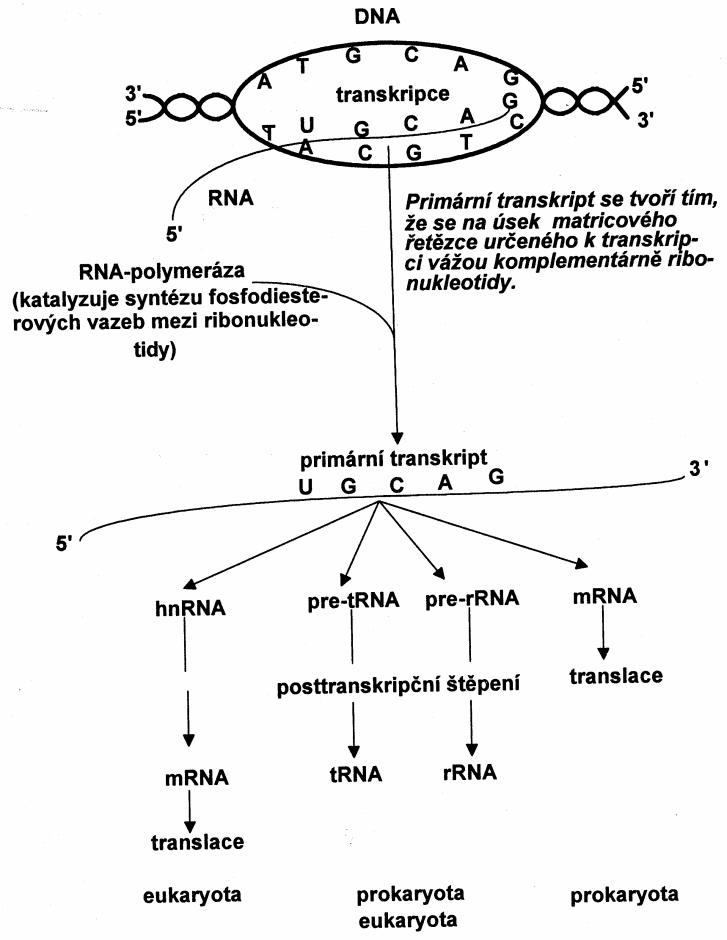
Prenos genetickej informácie

je možný z nukleovej kyseliny do nukleovej kyseliny alebo z nukleovej kyseliny do proteínu ale spätný prenos z proteínu do nukleovej kyseliny nie je možný (Crick, 1957-1958)



- replikácia jednoreťazovej RNA vírov (RNA replikáza), replikón-začiatok replikácie-replikačné proteíny
- RNA - transkript, DNA -transkript, primárny transkript, posttranskripčné úpravy
- Translácia-kódujúca nukleotidová sekvencia

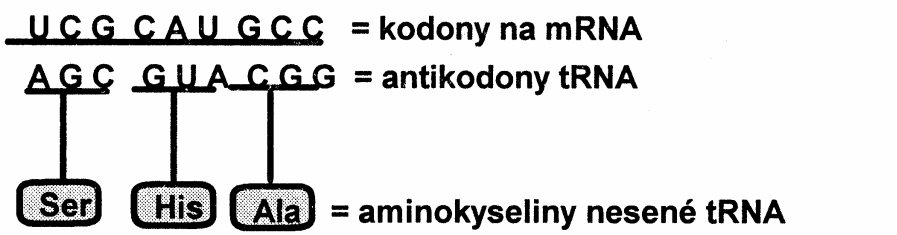




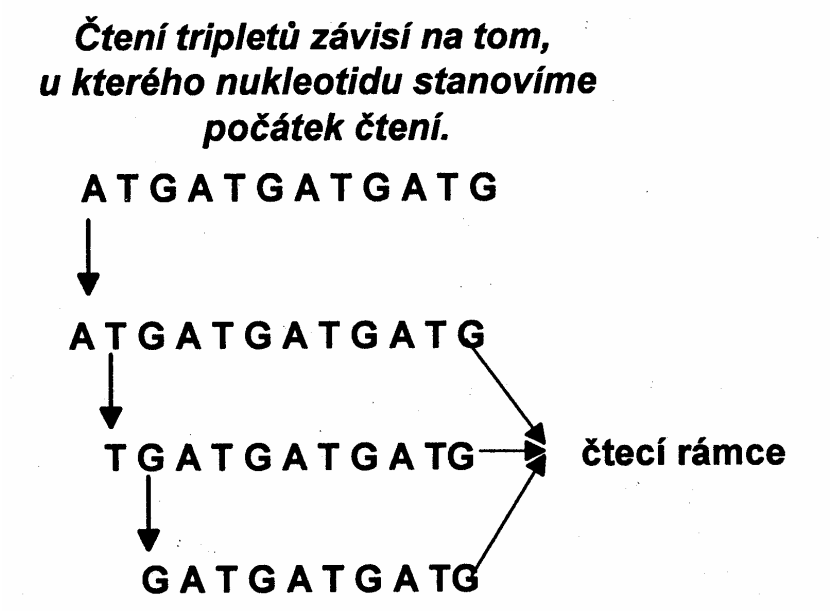
P3/16

Genetický kód

je systém pravidiel, podľa ktorých jednotlivé kodóny (*trojice nukleotidov-triplety špecifické pre jednotlivé AMK, začiatok alebo koniec syntézy proteínu*) určujú zaradenie štandardných aminokyselín do polypeptidu pri syntéze na ribozóme.



Transferová RNA rozeznává svým antikodonem na mRNA kodon pro aminokyselinu, kterou nese. Jinými slovy čte genetickou informaci na mRNA a překládá ji do pořadí aminokyselin v polypeptidovém řetězci.



Otvorený čítací rámec je vymedzený iniciačným a terminačným kodónom (kóduje súvislý, dostatočne dlhý polypeptid).

Zatvorený čítací rámec je prerušovaný terminačnými kodónmi (nemôže kódovať súvislý, dostatočne dlhý polypeptidový reťazec).

P3/17

Základné vlastnosti genetického kódu

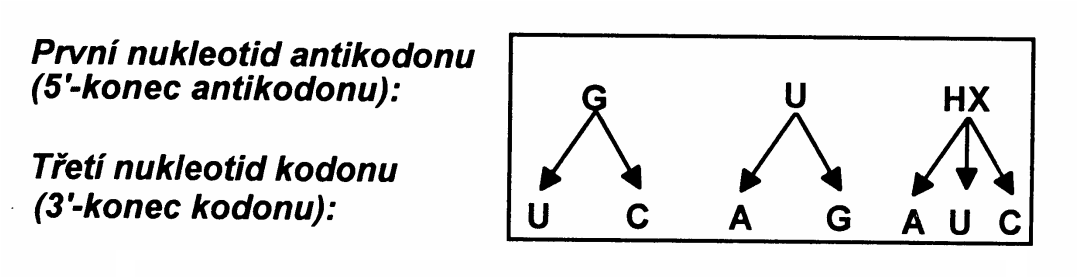
- **je trojpísmenový-tripletový (každá AMK je v NK kódovaná tripletom)**
- **je zostavený zo 64 kodónov**
- **je degenerovaný (každá AMK je kódovaná viacerými kodónmi)**
- **len 61 kodónov kóduje AMK (zmyselné kodóny)**
- **kodóny sú synonymné (odlišné kodóny rovnakého zmyslu)**
- **zmyselné kodóny sú rozdelené do kodónových rodín a dvojkodónových sád (kr = je skupina 4 synonymných kodónov, ktoré sa lýšia len nukleotidom v tretej pozícii a kódujú tu istú AMK, djs = 2 synonymné kodóny končiace v tretej pozícii jeden na A a druhý na G alebo jeden na U a druhý na C.**
- **niektoré kodóny sú nezmyselné (UAA - *ochre*, UAG - *amber*, signalizujú zakončenie syntézy - terminačné k.)**
- **kodón UGA – opal je bifunkčný (nezmyselný alebo kóduje selenocysteín)**
- **kodón AUG je bifunčný (kóduje metionín alebo signalizuje začiatok syntézy-iniciačný kodón)**
- **väčšina genetických kodónov je univerzálna**

8 kodonových rodin		tj.	32 kodonů
8 dvoukodonových sad	UC	tj.	16 kodonů
5 dvoukodonových sad	AG	tj.	10 kodonů
1 iniciační a bifunkční kodon AUG		tj.	1 kodon
3 terminační kodony (z toho 1 bifunkční)		tj.	3 kodony
1 kodon Ile AUA		tj.	1 kodon
1 kodon Trp UGG		tj.	1 kodon
Celkem			64 kodonů

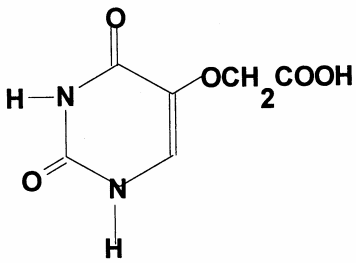
P3/18

Párovanie kodón - antikodón

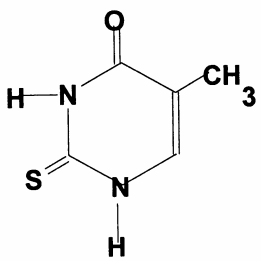
všeobecne platia pravidlá párovania báz podľa Watsona a Cricka (AT, AU, GC) zároveň však platia aj pravidlá kolísavého párovania báz hlavne medzi tretím nukleotidom kodónu a prvým nukleotidom antikodónu



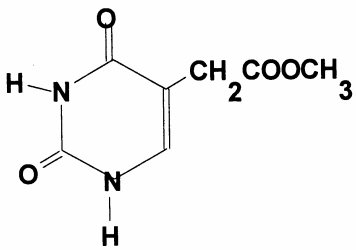
uracil-5-oxyoctová kyselina



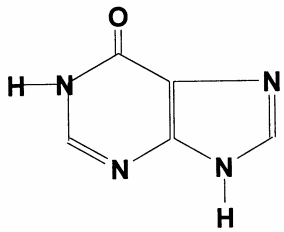
5-metyl-2-tiouracil



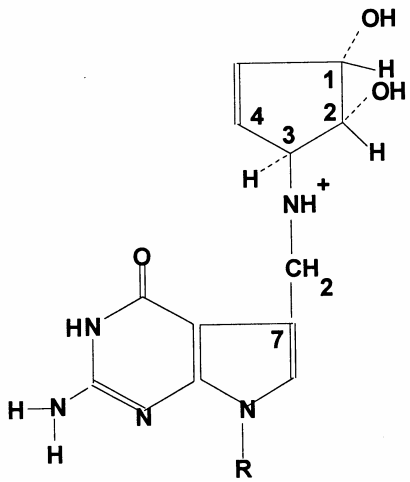
5-metoxykarbonylmetyluracil
metylester uracil-5-octové kyseliny



hypoxantin
6-hydroxypurin



kveozin
7-((1S,2R,3S)-dihydroxy-4-cyklopenten-3-yl)aminometyl-7-deazaguanozin



Neobvyklé bázy vyskytujúce sa v prvom nukleotide (na 5´ mieste) antikodónu

počet tRNA čítajúcich genetický kód podľa pravidiel kolísania v párovaní báz u gramnegatívnych baktérií 40, eukaryonty 45, chloroplasty 30, mitochondrie stavovcov 22.

P3/19

Štandarný genetický kód

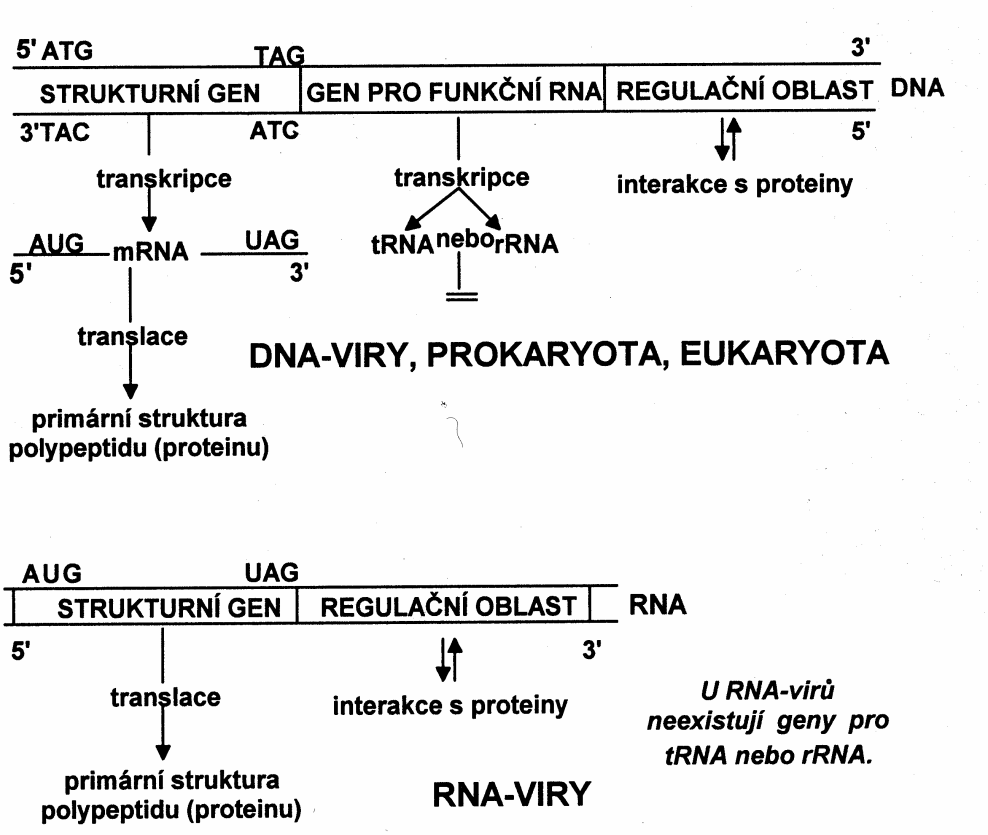
Kodony					
První nukleotid	**Druhý nukleotid**				**Třetí nukleotid**
	U	**C**	**A**	**G**	
U	Phe	**Ser**	Tyr	Cys	**U**
	Phe	**Ser**	Tyr	Cys	**C**
	Leu	**Ser**	N	N nebo Secys	**A**
	Leu	**Ser**	N	Trp	**G**
C	**Leu**	**Pro**	His	**Arg**	**U**
	Leu	**Pro**	His	**Arg**	**C**
	Leu	**Pro**	Gln	**Arg**	**A**
	Leu	**Pro**	Gln	**Arg**	**G**
A	Ile	**Thr**	Asn	Ser	**U**
	Ile	**Thr**	Asn	Ser	**C**
	Ile	**Thr**	Lys	Arg	**A**
	Met nebo I	**Thr**	Lys	Arg	**G**
G	**Val**	**Ala**	Asp	**Gly**	**U**
	Val	**Ala**	Asp	**Gly**	**C**
	Val	**Ala**	Glu	**Gly**	**A**
	Val	**Ala**	Glu	**Gly**	**G**

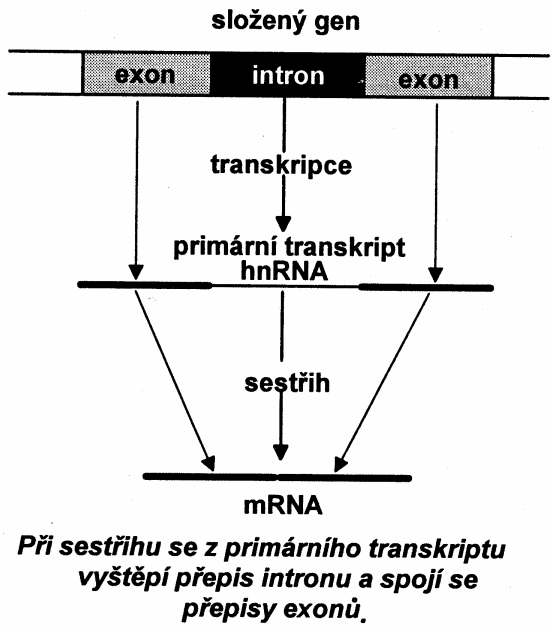
Kodonové rodiny jsou vyznačeny polotučně; N = *nesmyslný kodon;I = iniciační kodon*; *Secys = kodon pro selenocystein.*

P3/20

Gén

predstavuje základnú jednotku, ktorá obsahuje genetickú informáciu o primárnej štruktúre funkčnej molekuly translačného produktu (polypeptidu, proteínu) alebo funkčnú molekulu produktu transkripcie (tRNA, rRNA a ...), ktorá nepodlieha translácii alebo ako regulačnú oblasť





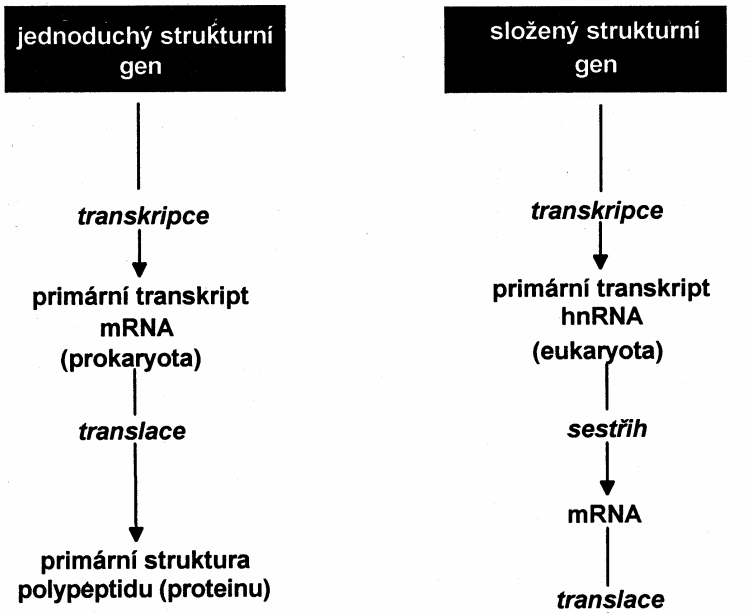
Při sestřihu se z primárního transkriptu vyštěpí přepis intronu a spojí se přepisy exonů.

1. **zložené gény - prerušené intrónmi**
2. **jednoduché gény - neprerušené intrónmi**

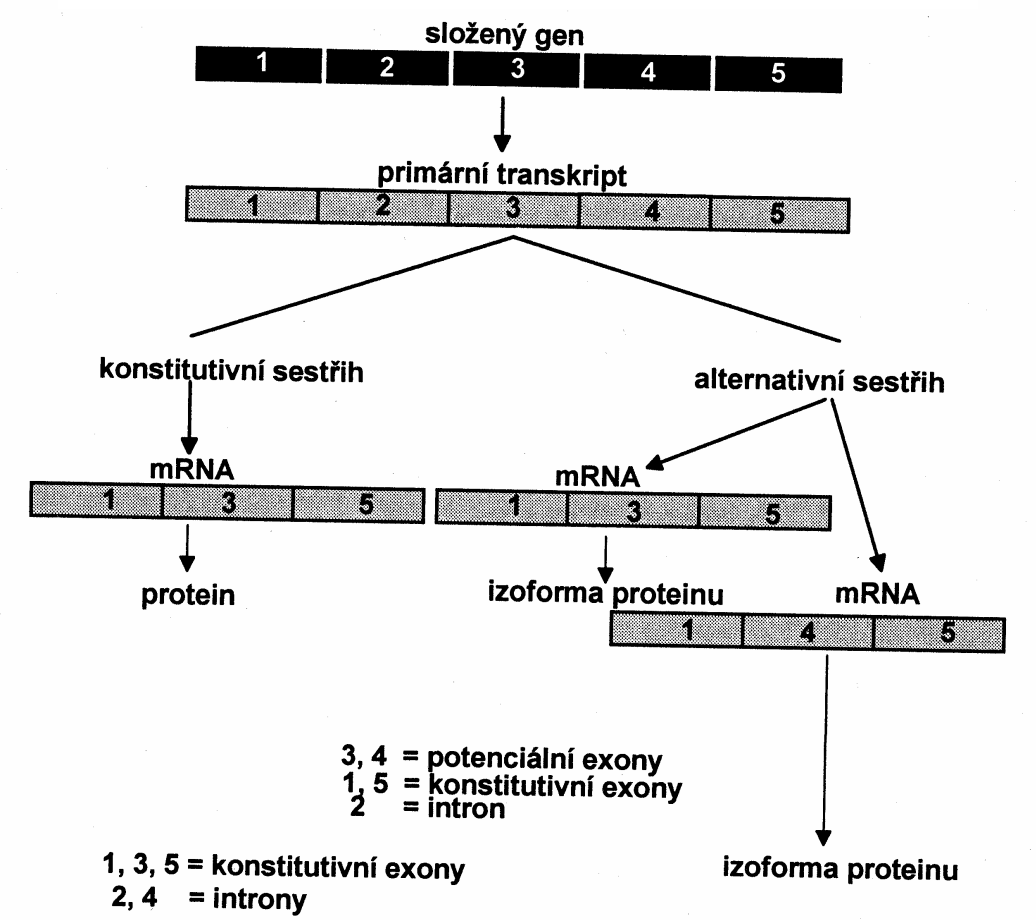
zostrih: konštitutívny, alternatívny

konštitutívny exón, potenciálny exón – kóduje izoformy proteínu

P3/21



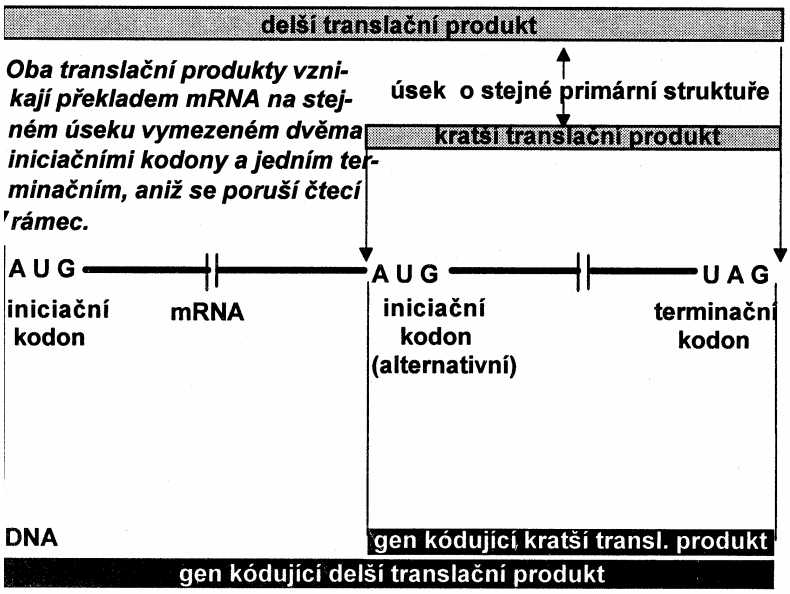
Rozdíl mezi jednoduchým a složeným strukturním genem spočívá v tom, že složený gen je sestaven z intronů a exonů a jeho primární transkript podléhá sestřihu, kdežto jednoduchý gen neobsahuje ani introny ani exony a jeho primární transkript nepodléhá sestřihu.



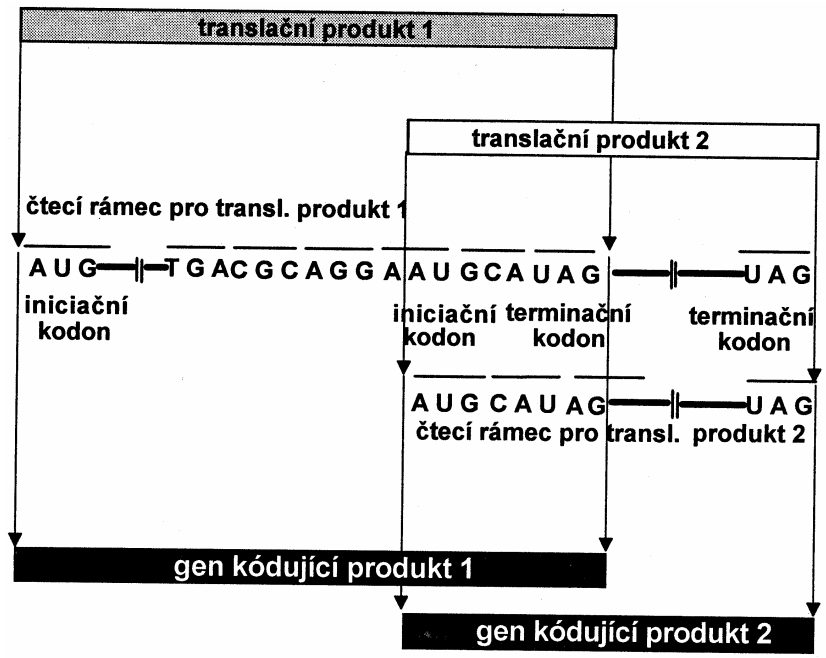
P3/22

Prekrývajúce sa gény

(prokaryonty)



překrývající se geny



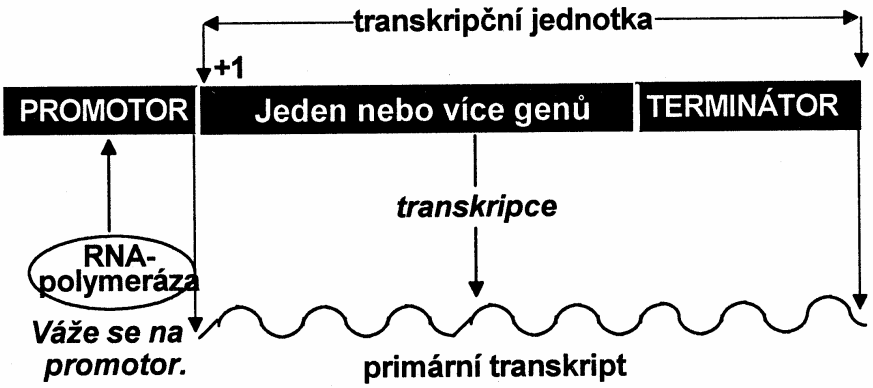
překrývající se geny

U eukaryontov a eukaryotických vírusov sa prekrývanie štrukturálnych génov uskutočňuje formou prekrývania transkripčných jednotiek

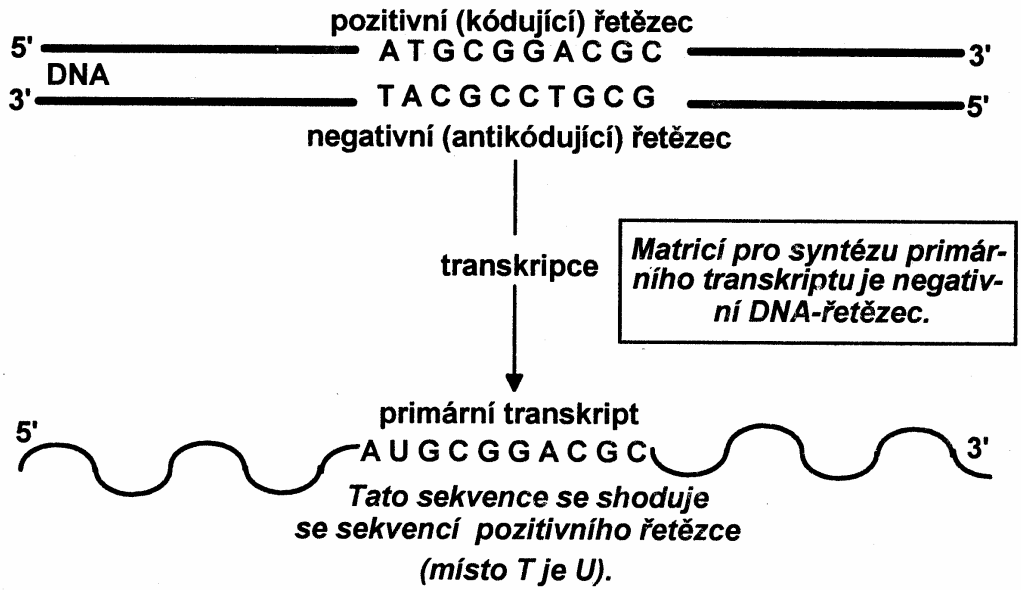
P3/23

Transkripčná jednotka

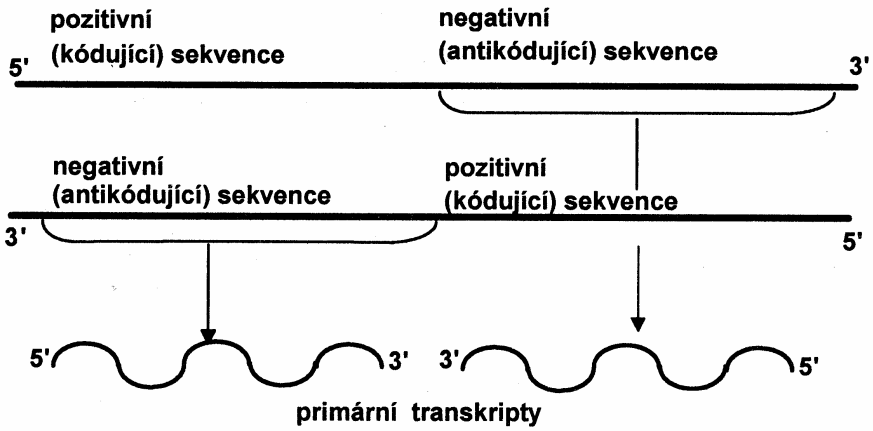
je vymedzená tzv. štartovacím nukleotidom (+1) a posledným nukleotidom v terminátore (regulačná oblasť). TJ úzko súvisí s promótorom, na ktorý sa viaže RNA-polymeráza, prípadne iné proteíny podmieňujúce začatie transkripcie



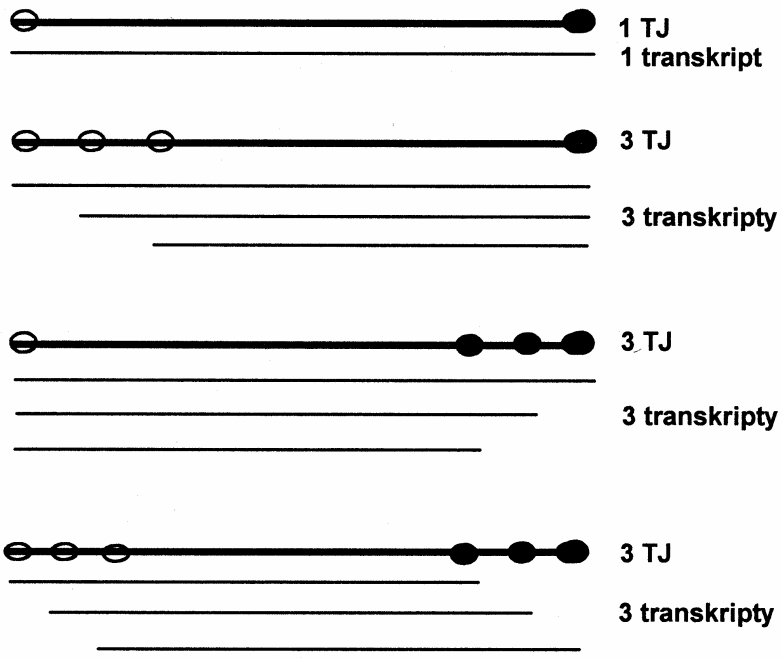
Jedna transkripční jednotka produkuje jednu molekulu primárního transkriptu obsahujícího přepisy tolika genů, z kolika se transkripční jednotka skládá.



P3/24



Střídání pozitivních (kódujících) a negativních (antikódujících) úseků na témže DNA-řetězci



TJ = transkripční jednotka
○ = začátek transkripce
● = konec transkripce

Sestřih primárních transkriptů může být konstitutivní nebo alternativní.
Začátek transkripce je definován startovacím nukleotidem +1.

Kontrolné otázky:

1. **Základné vlastnosti prokaryotických a eukoryotických organizmov.**
2. **Štruktúra prokaryotického a eukaryotického genómu.**
3. **Genetická informácia, genetický kód a jeho vlastnosti.**
4. **Charakterizujte nasledovné pojmy:geneofor, alela, genóm, genotyp, fenotyp, génová expresia, transkripčná jednotka.**