

Abstrakt:

V genomu *Caenorhabditis elegans* je více než 280 jaderných hormonálních receptorů (NHRs) v porovnání se 48 jadernými receptory u člověka a 18 jadernými receptory u octomilky (*Drosophila*). Většina jaderných hormonálních receptorů u *C. elegans* patří do skupiny suplementárních (podpůrných) jaderných receptorů (supnrs), které vznikly následnou duplikací jednoho původního genu. Evoluční tlak, který vedl ke zmnožení jaderných hormonálních receptorů u nematod, stejně tak i funkce většiny supnrs nejsou známe. V této práci byla studována exprese sedmi genů organisovaných v klastru na chromosomu V: *nhr-206*, *nhr-208*, *nhr-207*, *nhr-209*, *nhr-154*, *nhr-153* a *nhr-136*.

Metodou reverzní transkripce-kvantitativní PCR a použitím transgenních linií nesoucích řízení geny (obsahující pravděpodobné promotory) s GFP bylo zjištěno, že všech sedm genů tohoto klastru je exprimováno a pět z těchto genů má částečně se překrývající expresní profil. Exprese byla lokalizována v jícnu, ve střevě, v určitých neuronech, v análním svěrači a v samčích specifických buňkách.

Čtyři geny v tomto klastru jsou zachovány u *C. elegans* a u *C. briggsae*, zatímco tři geny jsou přítomné pouze u *C. elegans*, což ukazuje na poměrně nedávnou genovou expanzi.

V naší práci jsme zjistili, že jak část zachovaných tak všechny nezachované geny v tomto klastru odpovídají transkripčně na hladovění a tato odpověď je tkáňově specifická. Naše výsledky ukazují, že rozrůznění časové, prostorové a metabolické genové exprese je ve skupině suplementárních jaderných receptorů spojeno s evolučním tlakem.