

Структура и эволюция генов гормона роста лососевых рыб (Salmonidae)

Сравнивались нуклеотидные последовательности паралогичных генов гормона роста GH1 и GH2 у четырёх азиатских видов гольцов рода *Salvelinus* лососёвых рыб в целом. Показано, что структура обоих генов у всех видов лососевых рыб сходна и содержит 6 экзонов (1–6) и 5 интронов (A, B, C, D, E). Размер каждого экзона в двух паралогичных генах идентичен, а общая длина генов варьирует за счёт разной длины интронов. Экзонные последовательности генов весьма консервативны, содержат открытую рамку считывания общей длиной 630 п.н., и находятся под влиянием отрицательного отбора. Эти факты дают основание считать, что оба гена-паралога функциональны.

Филогенетический анализ экзонных и интронных последовательностей показал, что скорость дивергенции паралогичных генов гормона роста различается в разных филетических линиях у лососевых рыб и это определяется разным давлением отрицательного отбора.

Сравнительный анализ последовательностей генов GH показал, что интронные участки дивергируют с более высокой скоростью, примерно в 2 раза, по сравнению с экзонами. В то же время, очевидно, что и интронные последовательности находятся под влиянием отрицательного отбора. Это может определяться как эффектом хичхайкинга и Хилла-Робертсона, так и тем, что в интронах обнаруживаются потенциальные регуляторные последовательности.