

FTB 53 (4) 367-378.

(FTB-3998)

## **Dominantna epistaza između dva lokusa kvantitativnog svojstva učinkovitosti sporulacije kvasca *Saccharomyces cerevisiae***

### **Sažetak**

Učinkovitost sporulacije često se koristi za proučavanje kvantitativnih svojstava kvasca *Saccharomyces cerevisiae*. Velik broj gena i nukleotida koji utječu na učinkovitost sporulacije kvasca u laboratorijskim te divljim sojevima temeljito je okarakteriziran (uglavnom pomoću tehnike recipročne hemizigotnosti i ciljanom izmjenom nukleotida). U ovom smo radu primijenili drukčiju strategiju analize učinkovitosti sporulacije laboratorijskih sojeva kvasca. Povezivanjem klasičnih analiza kvantitativne genetike sa simulacijama fenotipskih distribucija (metoda modeliranja fenotipova) omogućena je detaljna analiza genetičkih odnosa između lokusa kvantitativnog svojstva učinkovitosti sporulacije. Na taj smo način otkrili dominantno epistatski odnos između dva lokusa koji pridonose učinkovitosti sporulacije. Štoviše, molekularna analiza poznatih gena i nukleotida što utječu na sporulaciju omogućila je pronalazak novih alela, koji su vjerojatno odgovorni za fenotipsku varijaciju. Pretpostavljamo da je dominantno epistatski način nasljeđivanja učinkovitosti sporulacije rezultat interakcije regije DNA na kromosomu *XIV*, duge 60 kb, te lokusa *RME1* na kromosomu *VII*. Nadalje, predlažemo model pomoću kojeg se mogu opisati signalni putevi što reguliraju učinkovitost sporulacije.

*Ključne riječi:* pivski kvasac, nasljeđivanje sposobnosti sporulacije, epistaza, analiza kvantitativnih svojstava, simulacija fenotipske distribucije