

Idén tavasszal a Gemenc Zrt. és az OEE Bajai H. Cs. szervezésében hullottagancs mustrát tartottak a Pörbolyi Ökoturisztikai Központ területén. A rendezvény szakmai felvezetőjeként dr. Orosz László akadémikus, genetikai professzor tartott előadást a gemenci szakembereknek a hazai gímszarvas genomjának feltérképezéséről. A szeptemberi szarvasbőgési időszak „dandárjában” talán külön érdeklődésre tarthat számot, hogy az alábbiakban a Természet Világában és a Nimródban megjelent szakcikket szerkesztett, rövidített változata olvasható, melynek közlési lehetőségéért ezúton mondunk köszönetet a professzor úrnak.

Nagy László főszerkesztő

Mire jó a szarvasgenom?

A hazai gímszarvasok genetikai kódja

A tavalyi év egyik szenzációs tudományos eredménye volt a szarvasgenom program eredményeinek publikálása, amelynek koncepcióját dr. Orosz László genetikai professzor, akadémikus dolgozta ki. A szarvasgenom program a CerEla1.0 névre kereszteltetett.

A gímszarvas genomja, akárcsak az emberé és más emlősöké kb. 1 m hosszú DNS kettős spirál, ami 3 milliárd építőelemből, bázispárból áll. Az 1 m hosszú DNS gímszarvas spermiumokban és petesejtekben 34 darabra van felszabdalva, mindegyik darab egy-egy kromoszómának felel meg.

Megjegyzendő, hogy az emlősök, így a gímszarvas is, ugyanazokat a géneket hordozzák, az egyes gének DNS szekvenciája igen hasonló. Pl. a szarvas és az ember egymásnak megfelelő génjei 90-95%-ban megegyeznek. A kutatás azt is feltárta, hogy a szarvas és a szarvasmarha esetében az egyezés 98-100%. Azt, hogy a fajok különböznek, alapvetően a gének szabályozásában és a gének működési hálózatai közötti különbségekben kell keresni.

A szarvasgenom program felhasználásáról

A CerEla1.0 folyamatosan bővül és gazdag forrása változatos kutatásoknak. Alapja például egy DNS vizsgálati készletnek: egy apró csepp beszáradt vérből vagy szőrpamacsból nyert DNS elegendő bármely szarvas egyedi azonosítására, trillió az egyhez megbízhatósággal.

A szarvaspopulációk genetikai változatossága (*DNS profil*) a múlttól is árulkozott. Például arról, hogy milyen útvonalakon népesítették be a szarvasok a Kárpát-medencét a jégkorszak után. Megismerhetők lettek a Kárpát-medencei gímszarvasok anyai és apa leszármazási vonalai (*vérvonalak, haplotípusok*).

Vizsgálataink megmutatták, hogy az Északi-középhegység és a Dél-Dunántúl szarvasainak genetikai profilja eltérő. A különbség közel olyan nagy, mint a mai magyar és japán népesség közötti profilok eltérése.

Az eltérő profilok azt is jelzik, hogy a két tájegységet más vidékekről származó szarvasok népesíthették be a jégkorszak után, de az is kimutatható volt, hogy Gödöllő-Valkó körzetébe Somogyból szarvasokat telepítettek be.

Frank Krisztián és Stéger Viktor vizsgálatai szerint az északi tájakat a jégkorszakot az Ibériai-félszigeten átvészelt szarvasok népesítették be a jégtakaró visszahúzódása után, míg a Dél-Dunántúlra és Gemencre a balkáni menedékhelyről vándoroltak be. A két vándorlás találkozott is valahol a Duna mentén, és géneket is cseréltek. Az egykori eseményt őrzik a szarvasgenomok.

Gemenc szarvasai csak 8%-ban tartalmaznak anyai ágon Ibériai-Nyugat-Európai eredetű géneket, 92% délről a balkáni menedékhelyről származik. A Zempléniénél fordított



a helyzet, a gének 60%-a Ibériai-Nyugat-Európai típusú és 40%-a déli, balkáni változat.

Az északi és déli populáció eltérő genetikai profilja lehet az egyik oka annak, hogy a Dél-Dunántúlon sokkal több a kapitális agancsú szarvasbika, mint az Északi-középhegységben. A világelső trófeák fele származik a déli vidékekről, Gemencről Zaláig. Mindez annak ellenére van így, hogy mindkét vidék kiváló szarvasélőhely és a két táj szarvasai amúgy egyformák természetben, erőben.

A két távoli refúgiumból egykoron bevándorló szarvas populációkban a véletlen genetikai sodródás jelenség (*genetic drift*) következtében az agancs kialakítását irányító gének más-más változatai halmozódtak fel.

A trófeacentrikus vadászati kultúra és a hozzáértő vadgazdálkodási gyakorlat ki is használja ezt. A gyengébb agancsú szarvasbikákat kilövik, így génjeikkel kevésbé járulhatnak hozzá a következő generációkhoz, más esetekben a jó genetikai állományú szarvasokat telepítenek a gyengébbek közé (vérfriítés).

Az agancs több tulajdonságához, fenotípusához bizonyos számos gén egyidejű működése szükséges (*pl. vastagság, hosszúság, kialakulása, ezek ún. kvantitatív és poligénis jellegek*), s ezek a gének tovább adódnak az utódoknak.

A környezet határozza meg – pl. a táplálék változatossága, bősége –, hogy a génekben tárolt lehetőség mennyire valósulhat meg. A jó géntípusok jó környezetben kiváló trófeához vezetnek, silány környezetben nem érvényesülnek. Mindez fordítva is igaz a kevésbé jó géntípusokra is: a legkiválóbb élőhely sem segít kapitális trófeához.

Érdemes hozzátenni, hogy az agancs az egyed dominanciájának külső jele is. A nagy agancs előnyt jelent a szaporodáskor, látványa legtöbbször távol tartja a riválisokat,



ugyanakkor van egy genetikailag optimalizált mérték a természetben, ami fölött már hátrányos a nagyság, annyira megterheli a szarvasbika szervezetét a hatalmas agancs kiövesztése.

Tapasztalat, hogy a zárt kertekben irányított keresztezésekkel tenyésztett, már 5-6 éves korukban óriás agancsot fejlesztő szarvasbikák fiziológiája felborul, a bőgés ideje bármely időszak lehet, életük sokkal rövidebb természetes társaiknál. Az erdőbe kihelyezve nem állnák a szaporodás versenyét és rövid idő után elpusztulnának. Mondhatnánk, a tenyésztő, az ember „túltolta a biciklit”.

Genek működése a fejlődő agancsban

A szarvasbika a tél végén lehullatja az előző évben fejlődött agancsát. Az elkövetkező 100-120 napban újat fejleszt. Az agancs fejlődése több szempontból is egyedülálló.

Egyrészt különböző szöveteleésekből, idegekből, vérekből, sokirányú fejlődésre képes sejtekből álló komplex és teljes szerv regenerálódik évről évre. Másrészt ez a leghevesebb szövetyarapodás az élővilágban, még a legrosszabb indulatú daganatoknál is hevesebben, naponta akár 20 dgm-mal gyarapszik az agancs és 1-2 cm-t nő minden ágvégén.

A heves sejtosztódás ugyanakkor szabályozott, a fejlődő agancs nem rákosodik el, gátló gének (*negatív regulátorok, represszor gének*) és ún. *tumor markergének* fokozott működése tartják mederben. Utóbbiakat azért nevezik tumor markereknek, mert aktivitásuk éppen fordított az emberi rosszindulatú daganatokban, ott kikapcsolnak, s ez jelzi a tumor kialakulását. A tumor markergén működésének meghatározása jelzi a tumor állapotát.

Az agancsba egy-másfél hónap alatt hatalmas mennyiségű csontanyag épül, amely a rekord trófeák esetén akár 10-15 kg is lehet, a szarvasbika testi csontvázának akár harmadával egyenlő csont tömeg. Az agancs csont építése a *mineralizációs gének* működése által történik.

Ezek a gének a váz csontozatában is működnek, de aktivitásukat a fejlődő agancsban 3 mester regulátor gén 30-50-szeresre fokozza. Olyan gyorsan épül az agancs, hogy a szarvasbika nem képes a táplálkozással biztosítani az építéshez szükséges kalcium teljes mennyiségét. A hiányt a váz csontozatából vonja el és építi át az agancsba.

Időlegesen, április-júniusban csonttrikulást szenved. Amikor az agancsot tápláló véredek elzáródnak (vérrögök halmozódnak fel) elhalnak a sejtek és az agancsot fedő bársonyos bőr és idegek. Befejeződik a folyamat júliusban, s a szarvasbika letisztítja elkészült agancsát, az agancs halott szervvé válik. Ettől kezdve megfordulnak a folyamatok és táplálék kalciumtartalma visszaépül a csontokba,

helyreáll a vázcsontozat sűrűsége. A szarvasbika meggyógyítja magát.

Feltételeztük, hogy a szarvasbika minden évben megismétlődő oszteoporózisa és az ember oszteoporózisa mögött hasonló gének és gén kaszkádok epigenetikai működése lehet. Lényeges különbség, hogy a szarvas oszteoporózisa és megfordítása része a természetes életműködésének, hozzájárul a szaporodás sikerességéhez.

Az emberi oszteoporózis ugyanakkor civilizációs betegség, sokkal a gyermekvállalás évei után jelentkezik és nem fordítható meg. Az iparilag fejlett világban a lakosság 10%-át érinti, hazánkban 900 ezer ember érintett (600 ezer nő és 300 ezer férfi), az Egyesült Államokban ez a betegszám eléri a 30 milliót.

Állatorvos sebész kollégánk három szarvasbikából kicsiny lengőborda mintákat operált ki (a szarvasok élete nem volt veszélyben, gyorsan felgyógyultak), háromszor mindegyikből egyetlen agancs ciklusban: az intenzív agancs növekedéskor, az agancs tisztításakor (barka hántás), a téli nyugalmi időben.

A csontban működő gének aktivitását az *expressziós DNS chip technológiával* határoztuk meg. Ebből megtudtuk, hogy a szarvasok oszteoporózisában mely gének működése tűnik különösen fontosnak. A SOTE I. Belgyógyászati klinikáján *Lakatos professzorral* és doktoranduszaival összefogva ellenőriztük a gének emberi megfelelőinek működését oszteoporózisban szenvedő és nem szenvedő betegekből származó csontmintákban is.

A „*szarvas javasolta gének*” 50-szer pontosabban mutatták ki a csonttrikulált állapotot, mint azok a gének, amelyeket a fejlett klinikai gyakorlatban vizsgálnak.

Általános tanulság lehet: amikor az állatvilágban megismert természetes fiziológiai állapotok hasonlatosak patológias emberi állapotokhoz, a génműködések vizsgálata az állatokban segítheti a gyógyászati és gyógyszerfejlesztési kutatást, például a gyógyszer-célpontok kijelölésével.



És egy érdekesség: Dél-Dunántúli szarvasok az Alpokban

Levél jött olasz kutatótól. Két feltűnően erős szarvasbikákat ejtettek el vadászok. Trófeájuk értéke messze meghaladta az ottaniakét. Kérték, hogy ellenőrizzük, milyen populációból származhattak?

A DNS vizsgálat eredményéből azonnal láttuk: az egyik anyai rokonsága Baranyában, a másiké Somogyban él. A legkiválóbb szarvas populációkból származtak. Elgondolkodhatunk: hogyan és miért ment el ez a két nemes szarvas a messzi idegenbe meghalni?

Dr. Orosz László

akadémikus, genetikus, Professor Emeritus (ELTE)

Képek: **Gemenc Zrt., Pilisi Parkerdő Zrt.**