

Kitekintés

GIMES JÚLIA GONDOZÁSÁBAN

HAZAI SIKER A GÍMSZARVAS GENOM

Magyar kutatók majdnem húszéves munkával felderítették a gímszarvas (*Cervus elaphus*) teljes örökítőanyagát. Nemcsak a DNS hárommilliárd betűpárjának sorrendjét fejtették meg, hanem azt is, hogy a DNS hogyan rendeződik kromoszómákba, és pontos szerkezeti leírást adtak a gímszarvas több mint húsz ezer génjének többségéről is. Az ötlet még a 90-es évek elején fogalmazódott meg Orosz László genetikusban, aki úgy gondolta: érdemes lenne ennek a gyönyörű, agancsa miatt rendkívül értékes, mondákban és irodalmi alkotásokban sokszor „megénekelt”, tisztelt állatnak az örökítőanyagát megismerni. Akkoriban azonban nem álltak rendelkezésre a maihoz hasonló technikák, így a kutatás megfizethetetlenül drága lett volna. Abban az időben csupán néhány baktériumfaj és egyetlen többsejtű élőlény, egy fonálféreg DNS-ét sikerült megfejteni.

1999-ben azonban elkezdődött a munka, a programot kizárólag hazai forrásokból valósították meg. A projektben az Eötvös Loránd Tudományegyetem (ELTE), a Gödöllői Mezőgazdasági Biotechnológiai Központ, a Kaposvári Egyetem és a Semmelweis Egyetem vett részt. A kutatásokat vezető Orosz László akadémikus, az ELTE Genetikai Tanszékének professor emeritusa a program egyik gyakorlati hasznát abban látja, hogy sok diák dolgozott benne, illetve számos PhD-dolgozat megszületését tette lehetővé, így a részt vevő fiatalok elsajátíthatták a molekuláris biológia csúcstechnológiáit, és megismerkedhettek a bioniformatikával is. Ez új genomprogramok elindulását tette lehetővé, például a Magyarországon élő nagyragadozók – medve, farkas, hiúz – vándorlási útvonalainak felderítését.

A projekt eredményei hasznosíthatók lesznek az állattenyésztésben, de nem csak a szarvaséban. A szarvas ugyanis a szabadon élő kérődzők egyfajta „referencia”-állata, így örökítőanyagát érdemes összehasonlítani a szarvasmarha, a kecske, a birka örökítőanyagával. Ugyanakkor az új tudás segítheti a kérődzők evolúciós fejlődésének megértését is.

Humán gyógyászati felhasználás is várható. A megvalósításhoz legközelebb – az agancs növekedésével kapcsolatos folyamatok tanulmányozásának eredményeként – a csonttritkulással kapcsolatos új diagnosztikus és terápiás lehetőségek állnak.

A hímek agancsa évről évre nő. Először egy porcos váz alakul ki, ami néhány hét alatt kalcifikálódik. Ez adja az agancs keménységét. Ez a sok kalcium a szar-

vas csontjaiból kerül az agancsba – magyarázza Lakatos Péter, a Semmelweis Egyetem 1. számú Belgyógyászati Klinikájának belgyógyász professzora. Ennek következtében az állat évről évre csonttrikulásos lesz, ám amint az agancs növekedése befejeződik, a szarvas öngyógyításba kezd. Sok kalciumtartalmú növényt legel, ugyanakkor szervezetében olyan folyamatok indulnak el, amelyek hatékonyan megszüntetik a csonttrikulást. Milyen géneken és genetikai szabályozó mechanizmusokon keresztül képes az állat erre a ciklikus öngyógyításra? – tették fel a kérdést a kutatók. Először a szarvasban találták meg a folyamatot irányító géncsoportokat, majd ezek emberi megfelelőit kezdték keresni. A génvadászat sikerrel járt, és néhány éven belül a piacra kerülhet az első olyan új csonttrikulás elleni szer, amelynek fejlesztésekor a magyar kutatók új eredményeit is felhasználták. A csonttrikulás, illetve bizonyos csontanyagcsere-betegségek korai diagnosztikájának lehetőségét is ígéri a szarvasgenomtól tanult új ismeretek. Egyes gének működésének megváltozása ugyanis módosíthatja a vérben bizonyos anyagok koncentrációját. E koncentrációk pontos mérésére kellene eljárásokat kidolgozni ahhoz, hogy új diagnosztikus módszerek születhessenek.

Orosz László hozzáteszi: a szarvas agancsa az állatvilágban ismert leghevesebben növekvő rendszer. Hossza naponta akár két cm-rel nőhet, tömege akár 20 dkg-mal gyarapodhat. E folyamatokban ráadásul többféle sejt differenciálódik, ami különösen izgalmassá teszi a tumorbiológiai szempontból történő tanulmányozást. E téren is születtek érdekes eredmények.

Bana N. Á. – Nyiri A. – Nagy János et al.: The Red Deer *Cervus elaphus* Genome CerEla1.0: Sequencing, Annotating, Genes, and Chromosomes. *Molecular Genetics and Genomics*, DOI:10.1007/s00438-017-1412-3

KIS FEKETE LYUKAK A NAGY KÖRÜL

A Tejútrendszer közepén, tőlünk kb. húszezer fényévre elhelyezkedő Saggitarius A* objektumról a múlt század vége óta ismert, hogy van benne egy szupermasszív fekete lyuk, melynek tömege a Nap tömegének négymilliószorosa. A kutatók azóta keresik az óriás körül hemzseggő kis fekete lyukakat. Ezek közül most tizenháromat megtaláltak a University of Columbia kutatói.

A kis fekete lyukak létezéséről szóló feltételezéseiket egyrészt arra alapozták, hogy a nagy fekete lyukak közelében besűrűsödnek a csillagok, és a csillagok egy része fekete lyukká alakul. Másrészt az 5–25 naptömegű képződmények nehezebbek, mint a csillagok, így jobban lesüllyednek a galaxis közepére a szupermasszív fekete lyuk köré, mint az Univerzum többi objektuma.

A kis fekete lyukak létezését eddig azért nem sikerült bizonyítani, mert a galaxisban lévő nagy por elnyeli azokat a sugárzásokat, amelyek detektálásával az

ilyen objektumok észlelhetők. Ilyen sugárzásokat a Föld körül keringő Chandra röntgentávcső segítségével sikerült regisztrálni.

Elméleti becslések szerint a szupermasszív óriási fekete lyuk körül kb. húsz-ezer kicsinek kell lennie. Közülük azt a tizenháromat találták meg, amelynek van társcsillaga. A fekete lyukak ugyanis teljesen feketék, és csak akkor „látunk” belőlük valamit, ha gáz áramlik beléjük, amit társcsillaguktól szippantanak el. A többi húszezretet más módszerekkel kell majd megtalálni.

Hailey, C. J. – Mori, K. – Bauer, F. E. et al.: A Density Cusp of Quiescent X-ray Binaries in the Central Parsec of the Galaxy. *Nature*, (05 April 2018) 556, 70–73. DOI:10.1038/nature25029