

**AZ „AGRÁR-BIOTECHNOLÓGIA ÉS PRECÍZIÓS NEMESÍTÉS AZ ÉLELMISZERBIZTONSÁGÉRT”  
NEMZETI LABORATÓRIUM PROJEKT (RRF-2.3.1-21-2022-00007) EREDMÉNYEI ÉS JÖVŐT  
FORMÁLÓ JAVASLATAI  
című záróesemény**

2022-ben indult útjára a hazai agrárkutatás egyik legnagyobb vállalkozása, az „Agrár-biotechnológia és precíziós nemesítés az élelmiszerbiztonságért” Nemzeti Laboratórium (NL). A HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont (ATK, Martonvásár), a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem (MATE, Szent István Campus-Gödöllő és Kaposvári Campus) és a HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont (SZBK, Szeged) konzorciális összefogásában és központi telephelyein megvalósuló Nemzeti Laboratórium középpontjában a mikroba–növény–állat alkotta rendszer komplex kutatása áll.

A projekt (RRF-2.3.1-21-2022-00007) Magyarország Helyreállítási és Ellenállóképességi Tervének keretében, az Európai Unió Helyreállítási és Ellenállóképességi Eszközének támogatásával valósul meg, és 4 évre összesen 2,431 milliárd forint vissza nem térítendő támogatásban részesül az Európai Uniótól, az RRF-2.3.1-21 sz. „Nemzeti Laboratóriumok létrehozása, komplex fejlesztése” program keretében.

**Az Agrár-biotechnológia és precíziós nemesítés az élelmiszer-biztonságért** Nemzeti Laboratórium tevékenységének fő célkitűzése, hogy az agrárkutatás tudományosan megalapozott válaszokat adjon a mezőgazdaságban jelentkező komplex kihívásokra. A projekt az agrár-ökoszisztéma főbb elemeit, a mikroba–növény–állat kapcsolatrendszerrel foglalja magába, közös célként megjelölve a WHO „One Health-szemléletű” élelmiszerbiztonságot.

A HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont vezetésével, a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetemen és a HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközponttal konzorciumban megvalósuló „Agrár-biotechnológia és precíziós nemesítés az élelmiszerbiztonságért Nemzeti Laboratórium” című, RRF-2.3.1-21-2022-00007 azonosítójú projekt sajtónyilvános zárórendezvényét 2026. március 12-én, 10.00 órától tartják Budapesten a Magyar Tudományos Akadémia székházának Felolvasótermében. A projekt 2,4 milliárd forint támogatásból valósult meg, és olyan kutatás-fejlesztésekre épült, amelyek az élelmiszertermelés alapjául szolgáló agrár-ökoszisztéma fő elemeit, a mikroba–növény–állat kapcsolatrendszerrel komplex módon elemzik, átfogó célként megjelölve a „One Health” (Egy egészség, WHO) szemléletű élelmiszerbiztonságot.

Fentiekkel összhangban a projekt egyik legfőbb eredménye a célzott génszerkesztési eljárások kidolgozása és sikeres alkalmazása a haszonnövények és -állatok széles körében, amit nagyszámú prototípus, szabadalom és – ehhez kapcsolódva – bejelentett fajta fémjelez. A projekt másik „kincse” a gazda(növény/állat)-mikroba kölcsönhatások új vetületeinek feltárása és felhasználása a termelékenység javítására.

A 4 éves programban több mint 70 kutató és oktató, valamint közel 60 PhD-hallgató vett részt. Ez a kutatógárda mintegy 150 antibiotikumrezisztens baktériumtörzset azonosított és ezekben 400 plazmidot vizsgált, 114 probiotikus tulajdonsággal rendelkező törzset izolált, továbbá 11 mikorrhiza-izolátumot jellemzett és végül több száz mutáns növényi és állati sejtvonalat vagy egyedet állított elő. A tudományos teljesítményt illetően 80-nál több nemzetközi publikáció született ebben az időszakban, amelyekből 58 a

legmagasabb szintű, D1 és Q1 besorolású folyóiratokban jelent meg. A kutatási eredmények mellett a projekt keretében kiemelkedő infrastruktúrafejlesztés is történt. A több mint 50 berendezés közül jó néhányat a konzorcium számos munkacsoportja közösen is használ. **Többek között talajmunkáló erőgépet, növénynevelő kamrákat, molekuláris genetikai laboratóriumi kapacitást, továbbá nagyértékű diagnosztikai eszközöket, köztük egy szuperrezolúciós képalkotó rendszert**, amely gyors és pontos szövet- és sejtszintű felbontást tesz lehetővé.

A projekt kutatói ezenfelül 26 hazai és 6 nemzetközi együttműködést alakítottak ki, több ezek közül hazai piaci szereplővel indult el. A projekt során összesen 8 iparjogvédelmi és fajtabejelentés született, és ezek egy részének piaci hasznosítása is megkezdődött.

#### Kutatási területek:

- Mikorrhiza-növény szimbiózisok jellemzése és alkalmazásuk a terméshozzájárulásra
- Antibiotikumok alkalmazásának kiváltása, a rezisztencia terjedése és lehetséges mechanizmusainak feltárása
- Mikotoxinok jellemzése és takarmány-eredetű expozíció csökkentése
- *Ralstonia* kórokozónak ellenálló burgonya rezisztenciájának molekuláris mechanizmusai
- Újszerű precíziós nemesítési módszer és alkalmazása betegségellenálló kalászos gabonák előállítására
- Innovatív genomszerkesztési és nemesítési módszerek kidolgozása a kukorica szárazság adaptációjának javítása érdekében
- Hatékony és biztonságos genomszerkesztési technológia kifejlesztése emlősök és madarak esetében

#### Kutatási eredmények és javaslatok:

A MIKROBIOLÓGIA SZEKCIÓ kiemelt területe a növény–mikroba interakciók genetikai vizsgálata a mikorrhiza kapcsolatokon keresztül a növények biotikus és abiotikus stressztűrő képességének feltárása céljából. A kutatók kimutatták, hogy az arbuskuláris mikorrhiza gombák természetes stresszcökkentő eszközként való alkalmazásával csökkenthető a peszticid- és műtrágya-felhasználás a mezőgazdasági területeken, anélkül, hogy sérülne a termésbiztonság.

A Szekció további hangsúlyos kutatási területe a humán- és állategészségügy kiemelt problémája, az antibiotikumrezisztencia gyors terjedése és az antibiotikumrezisztens baktériumok kimutatása környezeti mintákból. A tudományos vizsgálatok kimutatták, hogy az antibiotikumrezisztenciáért felelős gének nemcsak az örökítőanyag kiegészítő részeként (plazmid), hanem a gazda baktérium kromoszómáján is „szigetként” helyezkedhetnek el, amelyek hozzájárulnak a rezisztencia gyors terjesztéséhez. Kiderült, hogy a probiotikus és más (pl. *Xenorhabdus*) baktériumok antimikrobiális vegyületeket termelnek, amelyeket alternatívaként használva csökkenthetik az antibiotikumrezisztencia kialakulásának és terjedésének esélyét.

A NÖVÉNYBIOTECHNOLÓGIA SZEKCIÓ a legfontosabb élelmiszer- és takarmánynövények betegségeivel és hátrányos környezeti tényezőkkel szembeni ellenállóképességének növelését célozta meg a növénynemesítési technológiák fejlesztése és új fajták létrehozása révén. A kutatók új genomszerkesztési eljárást fejlesztettek és alkalmaztak az alábbi célokra:

- a *Ralstonia solanacearum* karantén-kórokozó baktériumra rezisztens burgonyavonalak létrehozása a gyakorlatban is alkalmazható, célzott génmutációval;
- lisztharmat-rezisztencia létrehozása új, a gyakorlati nemesítésben is alkalmazható nyommentes génszerkesztéses eljárással búzában;
- az árpa hálózatos levélfoltosságát okozó gombával (*Pyrenophora teres* f. *teres*) szembeni rezisztencia kialakításában szerepet játszó genetikai régió és mechanizmus azonosítása két árpafajta esetében;
- a rekombinációs események részletes molekuláris elemzésével kimutatták, hogy alkalmas szülőpárok kiválasztása a genetikai rekombináció javítását eredményezi, és növeli a búzánemesítésben használatos genetikai sokszínűséget;
- célzott deléciós és inszerciós mutációk révén a kukorica szárazságtűrésének javítása érhető el.

Az ÁLLATBIOTECHNOLÓGIA SZEKCIÓ-ban emlősökre és madarakra dolgoztak ki precíziós nemesítési eljárásokat. Az elsődleges cél, hogy számos kiválasztott gén optimalizált szerkesztésével az élelmiszerbiztonsághoz és a mikotoxinokkal szembeni ellenálló képességhez hozzájáruló hasznos génváltozatokat alakítsanak ki. A kutatócsoport

- több célzott hatékony és biztonságos genomszerkesztési eljárást dolgozott ki házityúk és madár ősvarsejtekre és fibroblaszt sejtekre;
- érzékeny vizsgálati módszereket dolgozott ki mikotoxinok jelenlétének kimutatására;
- igazolta, hogy T2-toxin kezelt nyúl embrionális fibroblaszt sejtekben 70 gén expressziója változott meg;
- azonosított nyúl esetében számos a méregtelenítés folyamatában résztvevő monooxygenáz enzimet, amelyek szerepet játszhatnak a mikotoxinok lebontásában;
- feltérképezte a stressz- és hőrezisztencia genetikai alapjait.

Az ÉLELMISZERBIZTONSÁG SZEKCIÓ munkája magába foglalja egyrészt az állatélettani, takarmányozási és toxikológiai kutatást, másrészt a potenciális mikotoxin-mikrobiota interakciók metagenomikai módszerrel történő kutatását. A kutatók az egyik fontos mikotoxincsoport, a *Fusarium*-nemzetségbe tartozó fumonizinek közül a fumonizin B1 hepato-, nefro- és immunotoxikus hatását patkánymodellen vizsgálva, új és jelentős mechanizmusokat tártak fel, elsősorban a sejtmembrán károsító hatásra irányulóan. Feltárták egyes természetes növényi hatóanyagok és probiotikus baktérium törzsek védő hatását mikotoxin expozíciónak kitett állati szervezetekben.

## A TUDOMÁNYOS PROGRAM ELŐADÁSAINAK RÖVID KIVONATA

### MIKROBIOLÓGIA SZEKCIÓ

- **Arbuskuláris mikorrhiza gombák, mint a stresszhatások mérséklésének természetes eszközei**

*Szentpéteri Viktor, Mayer Zoltán, László Livia, Kuchár Borbála, Tóth Andrea Tímea, Posta Katalin*

A klímaváltozás által felerősített abiotikus és biotikus stresszhatások új, fenntartható megoldásokat igényelnek a növénytermesztésben, amelyekben az arbuskuláris mikorrhiza (AM) gombák természetes stresszcökkentő eszközként egyre nagyobb jelentőséggel bírnak. Az AM-gombák a víz- és tápanyagfelvétel fokozásán túl komplex élettani, molekuláris és hormonális válaszokon keresztül növelik a gazdanövények stressztűrő képességét, mely folyamatot genotípusfüggő változások is befolyásolják. Eredményeink igazolják, hogy csökkenthető a peszticid- és műtrágya-felhasználás anélkül, hogy a termékbiztonság sérülne, hozzájárulva a fenntartható mezőgazdasági gyakorlatok elterjedéséhez és a környezeti terhelés mérsékléséhez.

- **Antibiotikum rezisztencia elleni küzdelem – csapataink harcban állnak**

*Kiss János, Libisch Balázs, Szabó Móni, Chioma Ozoaduche, Keresztény Tibor, Boros Zsófia, Juhász Ákos, Olasz Ferenc*

Az antibiotikumrezisztencia (AR) gének mintavételezésünk szerint mikrobiális közösségekben az egész országban elterjedtek, nemcsak humán környezetben, hanem akár vadállatokban is kimutathatók, rávilágítva a probléma súlyosságára. Az AR-gének terjedésében kulcsszerepet játszanak a plazmidok, genomi szigetek és mobilis elemek. A genomi szigetek terjedésében és fennmaradásában jelentős mechanizmusokat tártunk fel. Mi lehet a kiút az AR-probléma kezelésére, ami az EU egyik prioritása? A probiotikus és más (pl. *Xenorhabdus*) baktériumok antimikrobiális vegyületeket termelnek, amelyek alkalmasak lehetnek az antibiotikum használat kiváltására, így csökkentve az AR kialakulásának és terjedésének esélyét.

### ÉLELMISZERBIZTONSÁG SZEKCIÓ

- **A fumonizin B1 máj- és vesekárosító hatásának metabolomikai és transzkriptomikai elemzése alacsony dózis és rövid expozíciós idő esetén**

*Szabó András, Péter Mária, Omeralfaroug Ali, Edward Agyarko, Balogh Gábor, Török Zsolt, Kóta Zoltán, Vígh László, Timár Botond, Nagy Tibor, Kövér György, Bóta Brigitta, Olasz Ferenc, Gömbös Patrik, Vargáné Visi Éva, Kovács Melinda*

A klímaváltozás eredményeképp hazánkban korábban csak ritkábban előforduló xenobiotikus anyagok, pl. mikotoxinok fokozott jelenlétével számolnunk kell. Egyik fontos mikotoxincsoport a *Fusarium*-nemzetség által termelt fumonizinek, amelyek legismertebb képviselője a fumonizin B1, de rokonvegyületeinek (FB2, FB3, FB4 vagy acilezett formáik) előfordulása sem elhanyagolható. A

tiszta FB1 hepato-, nefro- és immunotoxikus hatását patkány-modellen elemeztük, új és jelentős mechanizmusokat tártunk fel, elsősorban a sejtmembrán károsító hatásra irányulóan. Elsőként vizsgáltuk a fenti hatásokra irányulóan tiszta formában a FB4 és az N-palmitoil-FB1 toxinokat, illetve érdemi hozzájárulást tettünk a FB1 sertésekben kiváltott tüdőödéma hátterének feltárásához.

## ÁLLATBIOTECHNOLÓGIA SEKCIÓ

- **A klímaváltozás toxikológiai lábnyoma: Mikotoxin-expozíció a vadfajoktól a humán populációig**

*Szóke Zsuzsanna, Nagyéri György, Molnár Zsófia, Plank Patrik, Holéci Dóra, Sára-Popovics Katalin, Lábadi Anikó, Sükösd Farkas, Lakatos István, Ferenczi Szilamér, Gócza Elen, Posta Katalin, Sára Levente, Szemethy László*

A klímaváltozás következményeként a penészgombák toxinjai már fajokon átívelő kockázatot jelentenek: a vadállomány egészségkárosodásától egészen a humán daganatos megbetegedésekig és meddőségi problémákig. Kutatásaink igazolták, hogy a mikotoxinok egy része a táplálékláncon keresztül a szaporodási szervrendszerbe jutva a magzati fejlődést és a hormonrendszert is veszélyeztethetik. Ugyanakkor eredményeink egy ígéretes természetes védekező mechanizmust is feltártak: a tüszőfolyadék melatoninja antioxidánsként képes ellensúlyozni a toxinok romboló hatását, új reményt nyújtva ezzel a meddőségi kezelések eredményességének javításában.

- **NOX4 KO és sejtválasz toxikus terhelésre: mechanizmusok nyúl fibroblaszt modellben**

*Bodrogi Lilla, Pintér Tímea, Urbán Martin, Maher Alnajjar, Endre Barta, Skoda Gabriella, Hoffmann Orsolya, Hiripi László, Gócza Elen*

Az oxidatív stressz kulcsfontosságú szerepet játszik számos toxikus anyag, köztük a T2-mikotoxin, sejtszintű hatásmechanizmusaiban. A reaktív oxigénformák (ROS) képződésének egyik meghatározó forrása a NADPH-oxidáz (NOX) enzimcsalád, melynek tagjai finoman szabályozzák a sejtek redoxállapotát és ezáltal a stresszválasz molekuláris folyamatait. Kutatócsoportunk egy korábban létrehozott, funkcionálisan NOX4-hiányos (Nox4-KO) genomszerkesztett nyúlmodell segítségével vizsgálta a NOX4 szerepét a T2-toxin biotranszformációjában és az expozíció korai sejtbiológiai következményeiben.

*In vitro* kísérleteinkben Nox4-KO és vad típusú nyúl embrionális fibroblasztokat kezeltünk T2-mikotoxinnal, majd a redoxszabályozásban és detoxifikációban részt vevő gének expressziós mintázatát RNS-szekvenálással térképeztük fel. Eredményeink alapján több kulcsenzim – köztük az EPHX3 és a PHYHIP – expressziója már a korai expozíciós fázisokban eltérően alakult a két genotípusban, ami NOX4-függő szabályozási mechanizmusra utal. Azonosítottuk a CYP1A1 enzimet, mint a T2-toxin lebontásának fő fázis I enzimet, amely funkcionális hasonlóságot mutat humán ortológjával.

A NOX enzimek közül a DUOX1 érzékenyen reagált a toxin jelenlétére: vad típusú sejtekben dóziszfüggő expressziónövekedést, míg Nox4-KO fibroblasztokban egy hormézis jellegű mintázatot detektáltunk. Ez arra utal, hogy NOX4 hiányában a sejtek alternatív ROS-szabályozási útvonalakat aktiválnak, amelyek befolyásolhatják a toxikodinamika menetét.

Összességében eredményeink új megvilágításba helyezik a NADPH-oxidázok szerepét a T2-mikotoxin metabolizmusában, és hangsúlyozzák a nyúl, mint transzlációs modell jelentőségét a mikotoxin-toxicitás molekuláris vizsgálatában.

## NÖVÉNYBIOTECHNOLÓGIA SZEKCIÓ

- ***Ralstonia solanacearum* karantén-kórokozó baktériumra rezisztens burgonyavonalak előállítása precíziós nemesítéssel**

*Bánfalvi Zsófia, Villányi Vanda, Akhil Kumar, Cusme Vera Brandon Adolfo, Karsai-Rektenwald Flóra, Bozsó Zoltán, Jeny Jose, Éva Csaba, Tetiana Kyrpa, Hamow Kamirán Áron, Liesel Gamarra Reinoso, Balázs Ervin, Sági László*

A *Ralstonia solanacearum* karantén baktérium, ami számos kultúrnövényen, köztük a burgonyán, jelentős károkat okoz, és elpusztíthatja a termés akár 50–85%-át. Mivel vegyszeres védekezés nem ismert a kórokozó ellen, a növények a leghatékonyabban genetikai rezisztencia kialakításával védhetők meg. A burgonya *Ralstonia*-val szembeni ellenállóságának növelésére fertőzésre aktiválódó géneket azonosítottunk, és célzott módon mutánsokat hoztunk létre olyan génekben, amelyek megváltoztatásáról feltételeztük, hogy növelik az ellenállóképeséget. Három olyan mutáns gént találtunk, amelyek kombinálásával valószínűsíthető a gyakorlati nemesítésben is használható rezisztenciaszint elérése a közeljövőben.

- **A búza nyommentes genomszerkesztése liztharmat-rezisztencia létrehozása céljából**

*Kis András, Polgári Dávid, Mohammad Ali, Sepsi Adél, Sági László, Havelda Zoltán*

Munkánk során a búza *TaMlo* génváltozataiban állítottunk elő célzott mutációkat egy új, búza × árpa keresztezésre alapozott nyommentes genomszerkesztési technika alkalmazásával, mert a szakirodalom alapján a gén mindhárom homeoalléljének együttes kiütése széles körű liztharmatrezisztenciát eredményez. A szabadalmaztatott rendszerünket sikeresen alkalmaztuk nemcsak modell búzafajtában, hanem magas fehérje- és sikértartalmú hazai fajtaháttérben ('Mv Magdaléna') is, ami megalapozza az eljárás gyakorlati felhasználhatóságát.

- **Mikotoxinok, illékony metabolitok és tartalékfehérjék kapcsolata a búza kalászfuzárium-rezisztenciájával**

*Hamow Kamirán Áron, Puskás Katalin, Gell Gyöngyvér, Bese Cintia, Kutiné Ambrózy Zsuzsanna, Sági László*

Szabadföldi és kontrollált fertőzési kísérletekben vizsgáltuk a kalászfuzárium gombák (*Fusarium graminearum*, *F. culmorum*) hatását eltérő rezisztenciaszintű őszi búzafajták metabolikus válaszára. Gáz- és folyadékkromatográfiás-tömegspektrometriás mérésekkel többéves ismétlésben igazoltuk meghatározott szeszkviterpén illékony biomarkerek szoros lineáris összefüggését a dezoxinivalenol (DON) mikotoxin és konjugátumai mennyiségével, továbbá a fertőzöttség mértékével. Ezt a kapcsolatot természetes fertőzésből és a mindennapi élelmiszerláncból származó mintákban is megerősítettük. A rezisztens fajtákban a fogékonyakhoz viszonyítva 33–88%-kal alacsonyabb DON- és 61–98%-kal alacsonyabb zearalenon-toxinszinteket mértünk, ami mérsékelt feldolgozási minőségromlással járt együtt. Eredményeink szerint a virágzást követő 1–3 hét a korai detektálás kritikus időablaka, és a DON-függő illékony biomarker-meghatározás olcsó és érzékeny módszer a fuzáriumrezisztencia rangsorolására, valamint a fertőzés kockázatbecslésére.

- **Pyrenophora teres f. teres elleni rezisztencia genetikai hátterének vizsgálata árpában**  
*Mészáros Klára, Jeny Jose, Cséplő Mónika, Bányai Judit, Pál Magda, Bakonyi József, Sági László, Éva Csaba*

A nemesítés egyik fő feladata jól alkalmazkodó és ellenálló fajták létrehozása, amelyek lehetővé teszik a gombaölőszerek használatának csökkentését, ezért környezetkímélők és gazdaságosak. Munkánk során két árpa genomi régiót vizsgáltunk, amelyek szerepet játszanak a *Pyrenophora teres f. teres* gomba elleni rezisztenciában. A 3H kromozómán elhelyezkedő markerlókus a WAK1 gén terminális régiójában található, és az A/T SNP-változattól függően erős (A) vagy gyenge (T) transzkripció terminációt okoz: A gyenge terminációjú árpafajták rezisztensek a gombára, mert a szomszédos PR5 gén is működésbe lép. Emellett bizonyítottuk az ORA59 (AP2/ERF) transzkripció faktor (TF) szerepét a rezisztencia hormonális szabályozásában, ami serkenti két WRKY TF, egy RING-H2 cinkujj fehérje és egy AP1 TF működését, ugyanakkor gátló hatást fejt ki egy lipáz génre.

- **Genetikai rekombináció javítása a búzanemesítésben**  
*Cseh András, Sepsi Adél, Makai Szabolcs, Erika Chonata-Jiménez, Horváth D. Ádám, Makai Diána, Szabados Fanni, Mikó Péter, Karsai Ildikó*

A búzanemesítési programok alapját képező genetikai változatosságot előállító rekombinációs események többnyire a kromozómák végein történnek, ezért a genom jelentős része – sok hasznos génnel együtt – nem vesz részt új génkombinációk kialakításában. Kutatásunkban modern búzafajták dihaploid populációiban citológiai és DNS-csip alapú módszerekkel meghatároztuk a rekombinációnak a szülőktől függő gyakoriságát és pozícióját. Az adatok új, hálózatelemzésen alapuló elemzése jelentős különbségeket tárt fel az egyes fajták és vonalak között. Eredményeink szerint alkalmas szülőpárok kiválasztásával javítható a rekombináció, ami új lehetőségeket nyit a búzanemesítésben.

- **Többféle megközelítés értékelése a kukorica szárazságtoleranciájának javítására**

*Dudits Dénes, Zombori Zoltán, Nagy Bettina, Ferenc Györgyi, Horváth V. Gábor, Aysha Jameel, Mórocz Sándor, Rádi Feríz, Török Katalin, Szalai Gabriella, Janda Tibor, László Nikolett, Török Szabolcs, Ferhan Ayaydin*

Az aszály okozta termésveszteség mérséklésében kiemelt jelentősége van a nemesítésnek, a hibridek digitális képkalkotással történő fenotipizálásának. Az így végzett szelekció segítette a Kiskun Kft. fajtabejelentését. A gén editálási technológiák fejlesztése során a kromatinszerkezet módosításával sikerült a szárazság reakcióban szerepet játszó génekben a célzott deléciós és inszerciós mutációjának gyakoriságát növelni. A kukorica protoplasztokba történő DNS-bevitel érdekében polimeres módszer kidolgozására és közlésére került sor. Az energiafűz hajtásokból izolált biostimulátor komplex pozitív hatását igazoltuk szabadföldi kísérletben.