

**Metabolom–mikrobiom korrelációk vizsgálata különböző torma fajtákban**

Plaszko Tamás<sup>1</sup>, Szűcs Zsolt<sup>1</sup>, Cziáky Zoltán<sup>2</sup>, Ács-Szabó Lajos<sup>3</sup>, Csoma Hajnalka<sup>3</sup>, Géczy László<sup>1</sup>, Vasas Gábor<sup>1</sup>, Gonda Sándor<sup>1</sup>

1 Debreceni Egyetem, TTK BÖI, Növénytan Tanszék, Debrecen

2 Nyíregyházi Egyetem, Agrár és Molekuláris Kutató- és Szolgáltató Csoport, Nyíregyháza

3 Debreceni Egyetem, TTK BI, Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen

Az elmúlt évben vizsgálataink elsősorban a gomba endofiton közösség és a növényi metabolom közötti interakciók feltárására irányultak. Modellnövényként a Hajdú-Bihar régió egyik meghatározó haszonnövényét, az *Armoracia rusticana*-t választottuk. Célkitűzéseink között szerepelt 8 különböző torma fajta teljes metabolomjának (metabolitösszegének) feltárása célzatlan LC-ESI-MS/MS metabolomikai módszerrel, továbbá a növényekben élő gombaközösségek összetételének meghatározása újgenerációs amplikon szekvenálással.

Vizsgálatainkhoz egy kísérleti termőterületről gyűjtöttünk mintákat 2 éven keresztül. A gyökérmintákból felületi fertőtlenítés és kriogén homogenizálás után metabolomikai és genomi DNS-extraktumokat készítettünk, majd a műszeres analíziseket követően extenzív adatbányászattal vizsgáltuk a metabolom–mikrobiom korrelációkat.

A metabolom–mikrobiom korrelációs analízisek alapján a gazdanövények kémiai összetétele leginkább a *Monosporascus*, *Setophoma* és *Tetracladium* genusokba tartozó gombák mennyiségére volt a legnagyobb a hatással. Az azonosított vegyületcsoportok közül a flavonoidglikozidok mutatták a legerősebb korrelációkat. Ezzel szemben a tormaiban jelentősen nagy koncentrációban megtalálható glükozinolátok, melyek erős antifungális hatású vegyületek prekurzorai, sokkal csekélyebb mértékű hatással bírtak a gombaközösség összetételét illetően. Konklúzióként elmondható, hogy a gombaközösségek közel egyharmadában szignifikáns korrelációk figyelhetők meg legalább egy kémiai featurrel, mely a célzatlan metabolomikai megközelítés erejét bizonyíthatja és hasznos kiegészítője lehet proteomikai és transzkriptomikai analíziseknek.

**Témavezető:** Gonda Sándor