

A HÁLÓZATKUTATÁS, A BIOINFORMATIKA ÉS A RENDSZERBIOLÓGIA ALKALMAZÁSI LEHETŐSÉGEI AZ ÉLELMISZER-TUDOMÁNYBAN

Baranyi József

PhD, kutatási csoportvezető,
Computational Microbiology Research Group,
Institute of Food Research, Norwich, UK
josef.baranyi@ifr.ac.uk

Varga László

PhD, egyetemi tanár, dékánhelyettes,
Nyugat-Magyarországi Egyetem Mezőgazdaság- és
Élelmiszer-tud. Kar Élelmiszer-tudományi Intézet
VargaL@mtk.nyme.hu

Beczner Judit

Központi Környezet- és
Élelmiszer-tudományi Kutatóintézet
j.beczner@cfri.hu

Józwiak Ákos

PhD, igazgatóhelyettes,
Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal
Rendszerszervezési és Felügyeleti Igazgatóság
jozwiaka@nebih.gov.hu

Mézes Miklós

az MTA levelező tagja, tanszékvezető egyetemi tanár,
Szent István Egyetem Takarmányozástani Tanszék
mezes.miklos@mkk.szie.hu

Farkas József¹

akadémikus, professor emeritus,
Budapesti Corvinus Egyetem
Élelmiszer-tudományi Kar
jfarkasdr@t-online.hu

Bevezetés

A hálózatkutatás, a bioinformatika és a rendszerbiológia mint új tudományos diszciplínák megjelenését az informatika és a molekuláris biológia ugrásszerű fejlődése, és általában az információs technológiában (IT), a szociológiában és az élettudományokban megjelenő nagy tömegű, egymással összefüggő adathalmazok kezelésének és értelmezésének igénye váltotta ki. Közös jellemzőjük, hogy megfelelő számítástudományi eszközökkel olyan

¹ Levelező szerző

törvényszerűségeket lehet kimutatni, amelyeket kisebb adathalmazból nehéz vagy lehetetlen. Ezek sokszor meglepőek, sőt, akár az intuícióval ellentétesek is lehetnek. Az ilyen váratlan és nehezen megjósolható „kirajzolódó mintákat” *emergent patterns* megnevezéssel látták el az angol nyelvű szakirodalomban.

A komplex hálózatok kutatását a globalizáció, elsősorban annak szociológiai és kereskedelmi vonatkozásai indították el az 1990-es évek végén. A tudomány úttörői gráfelméleti értelemben vett pontokkal és éllel reprezentáltak egyéneket és ismeretéseiket (szociológia), vállalatokat és üzleti

kapcsolataikat (gazdaság), fajokat és egymásra gyakorolt hatásait (ökológia), géneket, fehérjéket és kölcsönhatásaikat (molekuláris biológia). Kiderült, hogy a hálózatok struktúrája és fejlődése sok hasonlóságot mutat függetlenül attól, hogy mit reprezentálnak. Duncan J. Watts és Steven H. Strogatz (1998) magyarázatot talált a „kicsi a világ” megfigyelésre, Romualdo Pastor-Satorras és Alessandro Vespignani (2001) a járványok terjedésének hatékonyságára, Barabási Albert László és Albert Réka (1999) a gyakran előforduló, ún. „skálafüggetlen” struktúrára, amelyek a legkülönbözőbb alkalmazásokban bukkanak fel. Az ilyen hálózatok közös tulajdonsága, hogy a random hibákkal szemben rendkívül ellenállóak, viszont a nagyobb csomópontokat kiválasztva és a hálózatból célzottan kiszakítva a hálózat megszűnik létezni, és több, izolált, kis hálózatra esik szét. Ennek a ténynek különös jelentősége lehet, ha a bioterrorizmus, az élelmiszer-terrorizmus vagy csupán a szándékos károkozás megelőzését, kivédését célozzuk meg.

Ezzel egyidejűleg zajlott a molekuláris biológia előretörése, aminek egyik legjobb példája, hogy egyes növény- és állatfajok teljes genomjának feltérképezése is lehetségessé, sőt mára a baktériumok esetében már rutinszerűvé vált. A teljes genom ismeretében lehetőség adódott külső hatásokra bekövetkező génexpressziós változásoknak, sőt azok egymást követő sorozatának megfigyelésére is.

A molekuláris biológia ezen eredményei még inkább rávilágítottak a komplex szintézis szükségességére a redukcionista szemlélettel szemben. Barabási Albert-László, a hálózatkutatás egyik legismertebb nemzetközi szaktekintélye ahhoz hasonlítja a helyzetet, mint amikor a gyerek szétszedi a játékát, de azt összerakni már nem képes. A molekuláris

adatáradat az „összeszerelés” térképe nélkül ugyanis önmagában nem elég annak megértéséhez, hogy miként képesek például a baktériumok extrém környezethez is gyorsan és hatékonyan alkalmazkodni. A molekuláris megfigyelések egységes modellbe való integrálása és a mikrobiológiai komplexitás jellemzésének igénye tette a bioinformatikát és a rendszerbiológiát önálló tudományággá. E két diszciplínáról úgy fogalmazhatunk, hogy míg az előbbi legfontosabb szerepe adatok szerzése a biokémiai hálózatokhoz, az utóbbié az adatok közötti kapcsolatok elemzése: hogyan válnak a molekuláris építőelemek élő rendszerré a közöttük lévő kapcsolatok által. A két tevékenység a hálózatos megközelítési mód tipikus elemei.

Meg kell jegyezni, hogy a rendszerbiológia eredményeit eddig főként gyógyszervegyészek alkalmazták. Ennek a tudományterületnek azonban hasonlóan jelentős szerepe lehet az élelmiszer-mikrobiológiában és általában az élelmiszer-ellátás biztonságának megteremtésében is.

A hálózatok analízise nem csak a rendszerbiológián keresztül kapcsolódik az élelmiszerbiztonsághoz. Az élelmiszer a legfontosabb olyan, az emberi kapcsolatok hálózatán terjedő anyag, amellyel nap mint nap mindenki találkozik, és sok kézen áthalad, míg eljut a fogyasztásig. Emellett az élelmiszer-tudomány az egyik leginkább multidiszciplináris terület, tekintettel arra, hogy szinte minden természettudományhoz szorosan kapcsolódik. Bizonyos értelemben sajnálatos, hogy szociológiai, sőt egyes művészetekkel kapcsolatos tudományterületek is előbbre tartanak a komplex hálózatok alkalmazásában, mint az élelmiszerek előállításával és elosztásával foglalkozó tudományágak (lásd INSNA URL1, vagy Leonardo URL2). Saj-

nálatos módon, mind a felsőoktatási képzésben, mind a kutatások finanszírozási feltételeinek kialakításakor kevés az ösztönzés és a hajlam az élettudományok és a számítástudományok hatékony együttműködésére.

Komplex hálózatok élelmiszerral kapcsolatos elemzésekben

A hálózatelméleti módszerek valószínűleg legismertebb alkalmazása élelmiszer-biztonsági kérdésekben a fertőzött/szennyezett állatok és növények szállításából eredő vírus- vagy baktériumeredetű járványok elemzése. A 2011-es budapesti hálózatstudományi konferenciához kapcsolódó szatellitrendezvényen mutatta be a német Szövetségi Állategészségügyi Kutatóintézet egyik csoportja azt a módszert, amellyel – miután feltérképezték a sertések szállítási útvonalát – ki tudtak mutatni olyan gócpontokat, ahol a kereszt-fertőzés valószínűsége nagyobb, ezért azokra különös figyelemmel kell lenni. Az ellenőrzéseket tehát oda kell összpontosítani, és a preventív intézkedéseknek is várhatólag ott lesz a legnagyobb, az egész hálózatra kiterjedő hatása (Lentz et al., 2011).

A hálózatelmélet eredményei felhasználhatóak a megelőzésben, illetve a kockázatalapú ellenőrzési, felügyeleti rendszerekben, például az egymással kereskedelmi kapcsolatban lévő vállalatok, országok hálózatában. Ilyen az élelmiszer- és takarmánybiztonsági gyorsriasztási rendszer (RASFF – *Rapid Alert System for Food and Feed*), amelynek hálózatát Nepusz Tamás és mtsai (2009) elemezték. A szerzők a riasztási megfigyelésekből és azok hálózatstudományi módszerekkel történő elemzéséből mintázatokra következtettek, és a modellt előrejelzésre is felhasználták.

Az élelmiszerek a szállítás során egy adott hálón terjednek egy országon belül is, ezért a

bennük lévő kórokozók vagy kémiai szennyeződések terjedése szintén elemezhető hálózatos módszerekkel. A hálózat pontjai itt vállalkozások, a közöttük lévő kapcsolatok feltérképezéséhez elméletileg rengeteg adat létezik. A vállalkozások ugyanis kötelesek a vásárolt alapanyagokat, termékeket, illetve az eladott árukat nyilvántartani. Jelenleg azonban nincs kötelezettség belső nyomon követésre, sem pedig elektronikus adatbázisok használatára, így bár világszerte potenciálisan hatalmas mennyiségű elemezhető adat áll rendelkezésre, ennek a hálózatnak a felderítése (pontosabban: a megfelelő adatgyűjtés) kereskedelmi érdekek korlátaiba ütközik.

Kíváncsún lenne a jövőben ilyen irányú kutatások és fejlesztések indítása, az adatok adatbázisrendszerekben történő gyűjtése, a különböző adatgazdák (kutatóintézetek, egyetemek, laboratóriumok, vállalkozók, hatóságok és egyéb ellenőrző szervezetek) közötti adatcsere, közös adatgyűjtés, valamint az adatbázisrendszerek ontológiájának egyeztetése, azok kompatibilissé tétele. Így lehetővé válna az adatok módszeres elemzése, hozzájárulva az élelmiszerlánc folyamatainak jobb megértéséhez és a hatékonyabb, megelőző jellegű felügyelethez.

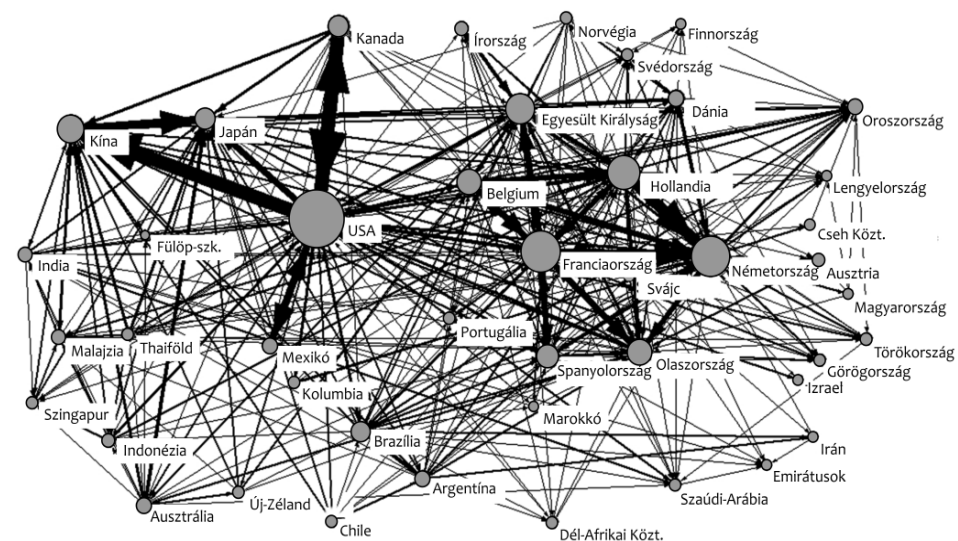
Az országok közötti kereskedelemre vonatkozóan napjainkban már létezik bárki számára hozzáférhető adatbázis, ilyen például az ENSZ által támogatott ComTrade adatbázis (URL₃). Ezt használta ki négy másik, ugyancsak magyar szerző (Ercsey–Ravasz et al., 2012), akik kimutatták bizonyos országok átlagosnál nagyobb felelősségét a biztonságos élelmiszer-kereskedelemben. A tanulmány az élelmiszer-áramlást országok mint hálózati pontok között, US\$-ban mérte. A pontok nagysága az ország élelmiszer-kereskedés-értékével (import+export) volt

arányos, az élek vastagsága pedig az illető két ország közötti élelmiszer-áramlás (fluxus) nagyságával (1. ábra).

Ez eddig egy hagyományos áramlási modell, amelyet azonban egy új hálózatstudományi fogalommal láttak el. Ez pedig egy adott pont/él „központiságát” (*betweenness centrality*) kvantifikálta, nevezetesen azzal, hogy hány bármely két másik pont közötti legrövidebb útvonal megy át a kérdéses ponton/élen. Mivel a nyomonkövetés annál nehezebb, minél több országot érintenek az élelmiszer-alapanyagok, megállapítható volt például, hogy a holland–német határon (ahol a „központiság” mértéke a legnagyobb volt) átmenő élelmiszerek esetében, ha azokban fertőzöttség/szennyezettség fordul elő, nagy késedelem várható a megbetegedés eredetének kiderítésében. Erre jó példa volt a 2011. júniusi *E. coli* (STEC) O104:H4 fertőzés Német-

országban (URL₄). Német kutatók később egy tanulmányban kimutatták (Wilking et al., 2012), hogy fejlettebb számítástudományi ismeretekkel olyan látszólag messze eső adatok, mint például, amelyek különféle fizetési dokumentumokban fellelhetők, segíthettek volna hamarabb felderíteni a veszélyt. Ez azért is fontos, mert az ilyen „adatbányászat” szorosán kapcsolódik az általunk tárgyalt mindhárom témakörhöz.

Az elemzés a továbbiakban a „központiságot” és az országok specifikus forgalmát együtt vizsgálta, ahol a specifikus forgalom alatt az egy agrár-főre (az agrár- és élelmiszeriparban és -kereskedelemben dolgozók) jutó import-export mennyiség értendő. Kiderült, hogy a holland agrár-élelmiszer populációnak van a legnagyobb felelőssége az élelmiszerek közvetítésében. Ők azok, akikhez érkező, illetve az akik által termelt/feldolgozott élelmi-



1. ábra • Országok élelmiszer-kereskedésének ábrázolása a ComTrade 2006-os adatai alapján. A pontok országokat reprezentálnak, nagyságuk arányos az országra jellemző éves import+export dollárban mért összértékével. Az élek hasonlóan értelmezendők. Az egyszerűség kedvéért csak azok az országok szerepelnek az ábrán, amelyek forgalma egy adott szint felett volt 2006-ban.

szer nagy valószínűséggel sok országot érint. Ez fontos információ a nemzetközi élelmiszer-kereskedelem felügyelete, szabályozása, az abban dolgozók képzése és a ráfordított költségek meghatározása szempontjából. Ez az eredmény azonban csak az intuitíve magasan kvalifikált szakemberek számára volt sejtethető (Arie Havalar, személyes közlés) és annak objektív, kvantitatív kimutatásához hálózattudományi módszerek voltak szükségesek. Érdeemes megjegyezni, hogy a legutóbb Nagy-Britanniában kirobbant „lőhúsbotrány” ugyancsak igazolta a cikk azon konklúzióját, hogy a nyomon követés egyre nehezebb lesz, és bizonyos országok kulcsszerepet fognak benne játszani.

Nyilvánvaló, hogy a hálózatelmélet további fontos alkalmazási területe lehet az élelmiszer eredetű megbetegedések epidemiológiai vizsgálata is, de a módszer prediktív lehetőségekkel is kecsegtet. Kellően nagyszámú adat elemzésével előrejelzéseket lehet készíteni a megbetegedést legnagyobb valószínűséggel előidéző élelmiszerek, országok, vállalkozások vagy a veszélyeztetett populáció, illetve akár konkrét személyek tekintetében. Gary C. Barker és munkatársai (2009) a hálózatokon történő nyomon követést kockázatbecslési problémák elemzésére használták.

Egy első ránézésre meglepő élelmiszer-hálózatról szól a Barabási csoport egy 2011-es cikke (Ahn et al., 2011). A szerzők a különféle alapanyagokat és aromaanyagokat aszerint hozták kapcsolatba, hogy azok mennyire gyakran fordulnak elő több tízezer, az interneten fellelhető receptben. Jó okunk van rá, hogy ezeket az aroma- és fűszernövényeket inkább aszerint hozzuk kapcsolatba egymással, hogy mennyire képesek táplálkozási szempontból előnyös hálót alkotni (például a bennük meglevő antioxidánsok és reakcióik révén), és e

háló tanulmányozása az egészséges táplálkozás szempontjából nagy jelentőségű lehet (Benzie, 2000).

Ugyancsak érdemes lenne hálózatkutatósi módszerekkel megvizsgálni, hogy a hasznos mikrobák miként teremtenek kapcsolatot az állati és növényi eredetű fermentált élelmiszerek, illetve az emberi tápcsatorna mikrobiótája között. A jótékony hatású mikrobákat tartalmazó fermentált élelmiszerek, valamint az egészségvédő tulajdonságokkal rendelkező probiotikus élelmiszerek rendkívül elterjedtek, világszerte mintegy ötezer változatuk létezik, és kultúrától függően a napi étrend 5–40%-át teszik ki (Tamang, 2010). Bár helyi jelentőségű, (ázsiai, afrikai) fermentált élelmiszerek esetében nem pontosan ismert a hasznos mikrobióta összetétele; sok országból nagyszámú és rendszerezett adat áll rendelkezésre ilyen vizsgálatokhoz (Bourdichon et al., 2012).

Összefoglalva megállapítható, hogy az élelmiszer-biztonsági kérdések tág teret nyújtanak hálózattudományi alkalmazásokra. Ennek kiaknázása azért is kézenfekvő lenne, mert a magyar kutatók nemzetközileg élen járnak a módszerek fejlesztésében.

Alább három pontba gyűjtöttük a legfontosabb teendőket arra vonatkozóan, hogy a XXI. század élelmiszer-ipari szakemberei és élelmiszer-tudományokkal foglalkozó kutatói olyan képzésben és kutatásokban vegyenek részt, amelyek megfelelnek a terület növekvő komplexitásának.

1. Alapvetően szükséges, hogy az élelmiszer-tudományi szakemberek a képzés/továbbképzés során olyan számítástudományi ismereteket sajátítsanak el, amelyek alkalmasak teszik őket nagy adatbázisok és hálózatok létrehozására, illetve elemzésére.
2. Az adatbázisok létrehozása és fejlesztése nem csupán számítástechnikai kérdés,

hanem feltétlenül szükséges hozzá az *input* adatok értékelésének és elemzésének képessége is. Ez feltételezi az adott élelmiszer-tudományi terület olyan szintű ismeretét, amely lehetővé teszi az egyes adatok értelmezését és validitásának meghatározását.

3. A kutatások finanszírozásánál a fenti interdiszciplináris értékeknek kiemelt szerepet kell kapniuk.

A bioinformatika és a rendszerbiológia az élelmiszerek mikrobiológiájában

Szakértők a holdraszállás jelentőségéhez hasonlították azt a tényt, hogy 2000-re sikerült a teljes emberi genomot feltérképezni. Ma már, mint említettük, egy baktérium teljes genomjának szekvenálását rutinszerűen meg lehet rendelni, viszonylag elfogadható áron. Az adatáradat következménye, hogy a számítástudományi eszközök megfelelő alkalmazása és az adatok értelmezése sokkal nagyobb szükségé (és hiánycikké) vált, mint a még több adat generálása. Egy új tudományág, a bioinformatika fejlődött ki, amely elsősorban molekuláris biológiai adatok tárolásának, elérésének és elemzésének a módszereivel és az ezekhez kapcsolódó algoritmusokkal foglalkozik. Tágabb értelemben ide sorolható a különféle információs rendszerek, web-technológiák, adatbázisok ontológiájának tanulmányozása is. Ehhez szorosan kapcsolódik a rendszerbiológia, a molekuláris mikrobiológiai adatokban megmutatkozó strukturális és kinetikai összefüggések feltárásának tudománya, amelyhez a matematikai modellezés és szimuláció, különösképpen a szabályozási folyamatok elmélete vezethet el.

Az élelmiszerekkel kapcsolatos első, rendszerbiológiai megközelítésű publikációk az élelmiszerekben előforduló egyes patogén

mikrobákra koncentráltak. Ez nem meglepő, hiszen a rendszerbiológiai kutatások kezdetben a klinikai és gyógyszervegyészeti alkalmazásokat célozták meg, amelyek hagyományosan lépéselőnyben vannak az élettudományok egyéb területeihez képest. Az élelmiszer-tudományokhoz szorosan kapcsolódik a tápcsatorna mikrobiológiája, amelynek a közelmúltban tematikus különszámot szentelt az egyik legtekintélyesebb tudományos folyóirat, a *Science* (Simpson et al., 2005).

Az élelmiszer-mikrobiológia nemcsak a releváns mikroorganizmusok tekintetében különbözik a társtudományoktól – például a biotechnológiától vagy az orvosi biológiától –, de eltérések mutatkoznak a tanulmányozandó mikrobapopulációk nagyságát és kapcsolatrendszerét illetően is. Amikor biotechnológiai eljárásokkal állítanak elő különféle anyagokat, akkor a baktériumkultúrák szaporodási jellemzőit tanulmányozzák nagy sejtkoncentrációk (>10⁶ sejt/ml) mellett, míg az élelmiszer-biztonsági kutatások a sejtek ennél nagyságrendekkel kisebb koncentrációit és a mikrobák túlélését vizsgálják. Orvosbiológiai szempontból nagy jelentőségük van a baktériumok kölcsönhatásainak, különösen az immunrendszerrel kapcsolatos interakcióknak, míg az élelmiszerek mikrobiológiai biztonságának tanulmányozásában az élelmiszer mint közeg és annak környezete, illetve hatása a leginkább tanulmányozott tényező.

Az elmondottakból következően a rendszerbiológiai alkalmazások csak mostanában nyernek teret az élelmiszer-mikrobiológiában, elsősorban a baktériumok adaptációs és szaporodási potenciáljának tanulmányozása terén (Pin et al., 2009). Megjósolható, hogy a közeljövőben lehetőség lesz egyedi sejtek működésének, illetve a mikrobajetek diverzitásának és varianciájának a mérésére és le-

írására, mely utóbbi paraméterek egy tényező túlélésének legfontosabb befolyásoló tényezői. Mindez új kutatási irányokat indít majd el a rendszerbiológia alkalmazásában. Erre ismét csak az említett két nagy számítástudományi eszköztár eddigieknél hatékonyabb elsajátítását kell célul kitűzniük a jövőbeni doktoranduszoknak: adatbázisok és kezelésük (bioinformatikai aspektus), valamint komplex kapcsolatrendszerek, hálózatok statisztikája, azok érzékenysége, bizonytalansága és a hálózaton működő áramlások kinetikai leírása (rendszerbiológiai aspektus).

Néhány példa kívánatos bioinformatikai és rendszerbiológiai kutatásokra az élelmiszer-tudományban

Az antioxidánsok hatásainak komplex rendszerekben, mint például az élelmiszerekben történő nyomon követése két szinten lehetséges, illetve szükséges.

• *Az első szint* az adott antioxidáns hatásmechanizmusa szerint történő hatásfelmérés, amely a szabadgyökök keletkezését megakadályozó (scavenger), a láncreakció továbbterjedését gátló (chain-breaking) és a más, már létrejött szabadgyökök által kialakított toxikus metabolitok eliminációjára koncentrálnak. Minthogy a három eltérő aktivitás egymásra épül, az antioxidánsok hatása rendszerbe (hálózatba) foglalható, és az eredmény az élelmiszerekben végbemenő peroxidációs folyamatok gátlásának eltérő időtartamával (lag-phase) pontosan definiálható.

• *A második szint* az élelmiszerekben jelen lévő, de a bélszatórnában felszívódó antioxidánsok szervezetre kifejtett hatását jelenti. Ebben az esetben a sejtek/szövetek szintjén hatásuk egyrészt *scavenger*, másrészt egyúttal aktiválhatják is az antioxidáns védőrendszer egyes elemeinek szintézisét/aktivitását. A hatás

itt a dózis/hatás összefüggésben értékelhető. A többkomponensű antioxidánsokat tartalmazó élelmiszerek esetében a dózis/hatás összefüggés mellett az egyes antioxidánsok egymást segítő (szinergens) vagy éppen ellenkezőleg, egymást gátló (antagonista) hatása is felmérhető a válaszok egységes rendszerbe (hálózatba) foglalása révén.

Az antioxidáns hatású természetes, bioaktív anyagokról (például polifenolokról és más összetevőkről) összegyűlt információk bioinformatikai és rendszerbiológiai elemzése lehetővé teheti például:

- I. táplálkozás-egészségügyi szempontból a reaktív oxigénfajtákkal szembeni antioxidáns védelmi rendszer (Benzie, 2000) optimalizálását és az élelmiszerekben lévő fenolos vegyületeknek a bél-mikrobiotával való kölcsönhatásainak (Selma et al., 2009) tisztázását;
- II. Hosszabb eltarthatóságú és/vagy jobb érzékszervi minőségű terményfajták nevesítésének megalapozását (Carli et al., 2009);
- III. A mezőgazdasági nyersanyagok tárolás-fiziológiájának jobb megértését;
- IV. A hatékonyabb minőségmegőrző feldolgozási technológiák továbbfejlesztését.

A mikotoxinok jelenleg talán a legtöbbet vizsgált szennyezőanyagok az élelmiszerekben (Murphy et al., 2006), ám kevésbé ismertek a penészgombák mikotoxintermelését befolyásoló komplex rendszerek, illetve az azok egyes kritikus lépéseit szabályozó (aktiváló/gátló) hatások (Reverberi et al., 2010). Továbbá nem kellően felderítettek/ismertek a mikotoxinok kölcsönhatásai az élelmiszerekben, pedig a mikotoxin-szennyezések a legtöbb esetben keverten fordulnak elő. A mikotoxinok termelésének komplex rendszere elsősorban bioinformatikai probléma, míg

azok kölcsönhatásai rendszerbiológiai módszerekkel pontosabban tárhatók fel.

Az újabb ún. „omikai” kutatások kimutatták, hogy a tápcsatorna mikrobiótája sokkal heterogénebb, mint azt korábban gondolták (Dimitrov, 2011). Ennek a mikrobiótának a szerepe egészségünk megőrzésében a táplálkozástudomány egyik alapvető kutatási területévé vált. A nagy hatékonyságú (high-throughput) molekuláris mérési adatok, és a rendszerbiológia fejlődése lehetővé tette ennek a komplex rendszernek az egzakt vizsgálatát is. Ma már ugyanúgy nem sci-fi téma a személyre szabott táplálkozás kutatásáról beszélni, mint a személyre szabott gyógyszeres kezeléssel. A kulcs ismét csak a bioinformatika és a rendszerbiológia, valamint a kérdéskör hálózatos megközelítése makroszinten.

Következtetések

Korunk kulcsfontosságú kérdései, mint a globalizáció, a demográfiai növekedés, a gazdasági és pénzügyi dominóhatások, az energia-, a víz- és az élelmiszer-biztonság, a klímaváltozás – mind a tudományos értelemben vett komplexitás növekedését mutatják. Ennek háttere sok elemből álló, különböző dimenziójú (természeti, szociális, politikai, gazdasági) tényezők szövevényes rendszere, ahol az elemek közötti kapcsolatok száma egyre növekszik, és a rendszer egyre érzékenyebb lesz a változásokra és kiszámíthatatlannabb a reakciója, és azok felhalmozódása az egyedek megfigyeléséből megjósolhatatlan tulajdonságokhoz és jelenségekhez vezethet (emergence). Ilyen, az élelmiszer- és élelme-

zésbiztonságot érintő rendszer lehet az élelmiszerek áramlása, az ágensek terjedése állatok vagy emberek mozgása által és azok útvonalán, vagy például a baktériumok regulációs hálózata, amely képessé teszi azokat az élelmiszer-feldolgozási folyamatok túlélésére.

A jövő élelmiszer-szakembereinek, a tudományban, az iparban és az államigazgatásban egyaránt, nagyobb felkészültséggel kell rendelkezniük a komplex rendszerek vonatkozásában, ami elengedhetetlenül magasabb szintű információkezelési (IT) és számítástudományi ismereteket jelent. Ennek kulcsa a multidiszciplináris oktatás és kutatás, amely szorosabb együttműködést célzó, kezdeményező lépéseket követel mind a laboratóriumban dolgozó (wet), mind pedig a számítógépen dolgozó (dry) kutatóktól.

A cikk az MTA KÖTEB Élelmiszer-biztonsági Albizottság közösen kialakított véleményét tükrözi. Az albizottság tagjai: elnök: Farkas József; titkár: Beczner Judit; tagok: Ambrus Árpád, Baranyi József, Barna Mária, Bánáti Diána, Deák Tibor, Gelencsér Éva, Győri Zoltán, Jozwiak Ákos, Kovács Ferenc, Kovács Melinda, Lugasi Andrea, Mészáros János, Mézes Miklós, Nagy Béla, Somogyi Árpád, Szeitzné Szabó Mária, Varga János (SZIE), Varga János (SzTE), Varga László, Véha Antal

Kulcsszavak: *hálózatkutatás, rendszerbiológia, bioinformatika, élelmiszer-tudomány, élelmiszer-biztonság, táplálkozás-tudomány, élelmiszer-mikrobiológia*

IRODALOM

Ahn, Yong-Yeol - Ahnert, S. E. - Bagrow, J. P. - Barabási A. L. (2011). Flavor Network and the Principles of Food Pairing. *Scientific Reports*. 1, 196, DOI: 10.1038/srep00196 • <http://www.nature.com/>

srep/2011/111215/srep00196/pdf/srep00196.pdf
Barabási Albert László (2011). *Behálózva*. Második kiadás. Helikon, Budapest
Barabási Albert László – Albert Réka (1999). Emergence of Scaling in Random Networks. *Science*. 286, 5439,

- 509–512. • DOI: 10.1126/science.286.5439.509
- Barker, Gary C. – Gomez, N. – Smid, J. (2009): An Introduction to Biotracing in Food Chain Systems. *Trends in Food Science and Technology*. 20. 220–226. • DOI: 10.1016/j.tifs.2009.03.002
- Benzie, Iris F. F. (2000): Evolution of Antioxidant Defense Mechanisms. *European Journal of Nutrition*. 39. 53–61. • DOI: 10.1007/s003940070030
- Bourdichon, François – Casaregola, S. – Farrokh, C. et al. (2012): Food Fermentations: Microorganisms with Technological Beneficial Use. *International Journal of Food Microbiology*. 154. 87–97. • DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2011.12.030 • <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0168160511007586>
- Carli, Paola – Arima, S. – Fogliano, V. – Tardella, L. – Frusciante, L. – Ercolano, M. R. (2009): Use of Network Analysis to Capture Key Traits Affecting Tomato Organoleptic Quality. *Journal of Experimental Botany*. 60. 3379–3386. • <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2724691/>
- ComTrade (2012): ENSZ – FAO Adatbázisa. • <http://comtrade.un.org/db/>
- Dimitrov, Dimitar V. (2011): The Human Gutome: Nutrigenomics of the Host-Microbiome Interactions. *OMICS: A Journal of Integrative Biology*. 15. 7–8. DOI:10.1089/omi.2010.0109
- Ercsey-Ravasz Mária – Toroczka Z. – Lakner Z. – Baranyi J. (2012): Complexity of the International Agro-Food Trade Network and its Impact on Food Safety. *PLoS ONE*. 7(5): e37810. • <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0037810>
- Lentz, Hartmut, H. K. – Korschake, M. – Kolski, P. A. – Selhorst T. (2011): Analysis of the German Pork Production Network: Risks and Limiting Factors of Disease Spread. *Food Satellite, NetSci-2011*, Budapest • <http://www.ifr.ac.uk/safety/foodsatellite/hartmutAbstract.html>
- Murphy, Patricia, A. – Hendrich, S. – Landgren, C. – Bryant, C. M. (2006): Food Mycotoxins: An Update. *Journal of Food Science*. 71, 51–65. • DOI: 10.1111/j.1750-3841.2006.00052.x • <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1750-3841.2006.00052.x/pdf>
- Nepusz Tamás – Petróczy A. – Naughton D. P. (2009): Network Analytical Tool for Monitoring Global Food Safety Highlights China. *PLoS One*. 4, 6680. • <http://www.plosone.org/article/info%253Adoi/10.1371/journal.pone.0006680>
- Pastor-Satorras, Romualdo – Vespignani, Alessandro (2001). Epidemic Spreading in Scale-free Networks. *Physical Review Letters*. 86, 3200–3203. • DOI: 10.1103/PhysRevLett.86.3200 • <http://www.asu.edu/clas/csdc/events/pdf/vespignani.pdf>
- Pin, Carmen – Rolfé, M. D. – Muñoz-Cuevas, M. et al. (2009): Network Analysis of the Transcriptional Pattern of Young and Old Cells of *Escherichia coli* during Lag Phase. *BMC Systems Biology*. 3, 108–125. • DOI:10.1186/1752-0509-3-108 • <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2780417/pdf/1752-0509-3-108.pdf>
- Reverberi, Massimo – Riccelli, A. – Zjalic, S. et al. (2010): Natural Functions of Mycotoxins and Control of Their Biosynthesis in Fungi. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 87, 3, 899–911. • DOI: 10.1007/s00253-010-2657-5
- Selma, María V. – Espín, J. C. – Tomás-Barberán, F. A. (2009): Interaction between Phenolics and Gut Microbiota: Role in Human Health. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 57, 15, 6485–6501. • DOI: 10.1021/jf902107d
- Simpson, Stephen – Ash, C. – Pennisi, C. – Travis, J. (2005): The Gut: Inside Out. Introduction to Special Issue. *Science*. 307, 5717, 1895. • DOI: 10.1126/science.307.5717.1895 • <http://www.sciencemag.org/content/307/5717/1895.full>
- Tamang, Jyoti Prakash (2010): Diversity of Fermented Foods. In: Tamang, Jyoti Prakash – Kailasapathy, Kasipathy (eds.): *Fermented Foods and Beverages of the World*. CRC Press, Boca Raton, FL, 41–84. • <http://home.kku.ac.th/weera/tmp/Fermented%20Foods%20and%20Beverages%20of%20the%20World.pdf>
- Watts, Duncan J. – Strogatz, Steven H. (1998): Collective Dynamics of 'Small-World' Networks. *Nature*. 393, 6684, 440–442. • DOI:10.1038/30918
- Wilking, Hendrik – Götsch, U. – Meier, H. et al. (2012): Identifying Risk Factors for Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* by Payment Information. *Emerging Infectious Diseases*. 18, 169–170. • DOI: 10.3201/eid1801.111044 • http://wwwnc.cdc.gov/eid/article/18/1/11-1044_article.htm
- URL1: INSNA www.insna.org
- URL2: Leonardo <http://artshumanities.netsci2011.net/>
- URL3: ComTrade <http://comtrade.un.org/db/>
- URL4: WIRED Science Blogs – McKenna, Maryn: *E. coli: A Risk for 3 More Years From Who Knows Where* <http://www.wired.com/wiredscience/2011/07/e-coli-3-years/>

FULLERÉNEK: SZÉPSÉG ÉS HASZNOSSÁG*

Jánossy András

az MTA rendes tagja,
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem Fizikai Intézet
Kondenzált Anyagok MTA–BME kutatócsoport
atj@szfki.hu

A legegyszerűbb fullerént, a C_{60} -at és néhány más szénalapú, zárt szerkezetű társát a csillagközi tér molekuláinak laboratóriumi előállítására végzett kísérletek során véletlenül fedték fel (Kroto et al., 1985). Csak huszonöt évvel később vált bizonyossá, hogy a C_{60} viszonylag nagy koncentrációban tényleg előfordul az űrben (Sellgren et al., 2010). A felfedezés azonban jóval általánosabb jelentőségű volt; a fullerének és vegyületeik fizikai és kémiai vizsgálata sok ezer kutató fantáziáját mozgatta meg.

A csonka ikozaéder, a tisztán szénből álló C_{60} „focilabda” molekulaszervezete geometriai alakzatként már sok évszázada ismert (1. ábra). A reneszánsz festő, Piero della Francesca 1480 körül megjelent matematikakönyvében a csonka ikozaéder nem különösen szép, inkább csak egyike a nagyszámú, a perspektívát két dimenzióban megjelenítő ábrázolási feladatnak (2. ábra). Leonardo da Vinci festményén úgy érezzük, hogy a szabályos test a mérnököt és művészt nemcsak érdekeltette, hanem gyönyörködtette is (3. ábra). Buckminster Fullert (a fullerének névadóját) és

Szadao Sódzsit (Shoji Sadao) mind a szépség, mind a hasznosság szempontjai vezérelték, amikor az 1967-es montreali világkiállítás USA-pavilonjának óriás kupoláját hatszögekből és ötszögekből alkották meg. (Lásd még Darvas György [1999] *Szimmetria a tudományban és a művészetben* és Pásztor Emil [2003] *A művészi térlátás és az orvosi diagnosztikai képalkotás kapcsolatáról* című tanulmányait.)

A fullerének felfedezését követő kezdeti, „tisztán alapkutatósi” periódus lecsengésével a kutatási támogatásért folyamodó nagyszámú



1. ábra • A C_{60} -molekula.
(Az ábrákon az atomok mérete önkényes.)

* Az MTA Fizikai Tudományok Osztálya által rendezett, *A fizika fejlődési irányai* című sorozat keretében 2012. május 9-én tartott előadás alapján.