



Probiotikus baktériumok jellemzése és felhasználása a mikotoxinok elleni védekezésben

Olasz Ferenc *, Libisch Balázs¹ , Keresztény Tibor^{1,2} ,
Varga-Szatmári Viktória^{3,4,5} , Vargáné Visi Éva⁴ 

¹ Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Genetika és Biotechnológia Intézet, Agrár Biotechnológia és
Precíziós Nemesítés az Élelmiszerbiztonságért Nemzeti Laboratórium, Gödöllő

² Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Biológia Tudományi Doktori Iskola, Gödöllő

³ Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Élettani és Takarmányozástani Intézet, Agrár Biotechnológia
és Precíziós Nemesítés az Élelmiszerbiztonságért Nemzeti Laboratórium, Kaposvár

⁴ Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Élettani és Takarmányozástani Intézet, Élettani és
Állategészségügyi Tanszék, Kaposvár

⁵ Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, HUN-REN-MATE Mikotoxinok az élelmiszerláncban
kutatócsoport, Kaposvár

Összefoglalás

A probiotikus tulajdonsággal rendelkező tejsavbaktériumok nem véletlenül állnak az érdeklődés középpontjában, mivel felhasználásuk nagyon sok betegség megelőzésére, gyógyítására, a szervezet általános homeosztázisának fenntartására, helyreállítására terjed ki. Ez a felhasználás a probiotikus tejsavbaktériumok (rövidítve LAB) számos kedvező tulajdonságán alapul: immunrendszer stimulálása; antibakteriális vegyületek szintézise; toxikus anyagok megkötése/bontása; növekedésre, súlygyarapodásra gyakorolt hatás; antioxidáns hatás; a tápanyagok emésztése; táplálkozási szempontból fontos komponensek előállítás. Mivel nem mindegyik LAB-törzs rendelkezik minden fentebb felsorolt kedvező tulajdonsággal, ezért napjainkban is intenzíven folyik a legkedvezőbb tulajdonságokkal rendelkező LAB-törzsek izolálása és jellemzése mind laboratóriumi körülmények között (pH és egyes savtűrés, in vitro emésztési modell kísérletek, antibakteriális hatás vizsgálata, genomikai elemzés), mind állatkísérletekben való teszteléssel, melynek akár a végső célja a humán felhasználás. Különös figyelmet szentelnek a toxikus anyagok eliminálására. Az élelmiszerek, takarmányok mikotoxin-szennyezettsége számos megbetegedést okoz embereknél és állatoknál, mivel a mikotoxinok nemcsak mérgezőek, hanem potenciálisan rákkeltők, sőt egyes esetekben szaporodásbiológiai hatásuk is ismert. A mikotoxinok kötésében/bontásában is kulcsszerepet játszhatnak egyes LAB-törzsek, melyek képesek számos mikotoxin kötésére vagy bontására.

Kulcsszavak: tejsavbaktérium, *Lactobacillus*, probiotikum, mikotoxin, LAB-törzs

1. A probiotikumok fogalma, általános élettani hatása

A probiotikumok felfedezése Mecsnyikov orosz kutató azon felfedezésével kezdődött, hogy észrevette, hogy bizonyos tejtermékek, mint a kefir, joghurt, aludttej, jótékony hatással vannak a szervezetre. A későbbi kutatások azt igazolták, hogy ezek az előnyös hatások nagyrészt bizonyos baktériumcsoportokhoz, a tejsavbaktériumokhoz köthetők. A tejsavbaktériumok olyan Gram-pozitív, nem spóráképző baktériumok, ahol a „tejsavbaktérium” (lactic acid bacteria, LAB) kifejezés alapvetően ezen baktériumoknak azt a metabolikus képességeit tükrözi, hogy képesek szénhidrátok erjesztésével tejsavat termelni. 1857-ben Pasteur először figyelte meg és számolt be a

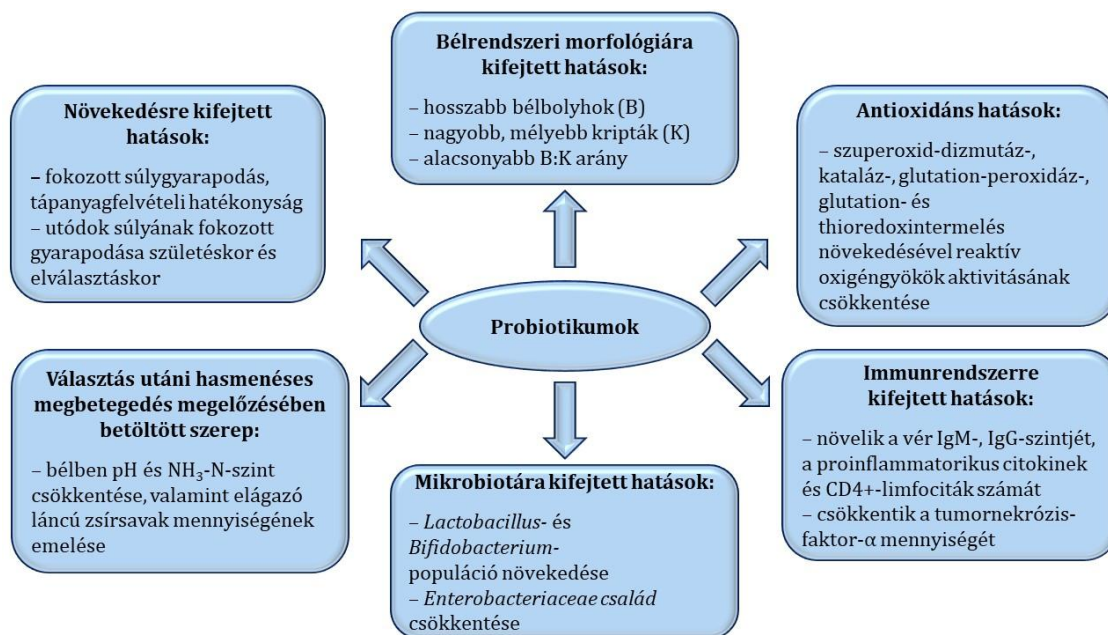
tejsavas erjedés jelenségéről, és egy tejsavas erjedést végző tiszta LAB-kultúrát tenyésztett ki, amelyet később *Lactococcus lactis*-ként határoztak meg. Ezzel megkezdődött a tejsavas erjedés tudományos kutatása (PASTEUR, 1995; LI ÉS MTSAL, 2024).

A LAB-törzsek a szervezet minden testüregében előfordulhatnak, de mennyiségük a bélrendszerben a legjelentősebb. Az itt található komplex ökoszisztémában a mikrobák által alkotott mikroorganizmus-közösség (mikrobiota) minőségi és mennyiségi értelemben vett egyensúlya az adott lény (gazdaszervezet) egészséges létének alapja. Ennek az egyensúlynak a megbomlása úgynevezett diszbiózishoz vezet, mely a szervezet általános egészségi állapotának romlását idézheti elő. Ebben a gazdag ökoszisztémában az élővilágnak mind a három nagy doménjéből találunk képviselőket (archeák, baktériumok, eukarióták). A gazdaszervezettel alkotott szimbiózisuk működési mechanizmusának megértésében az intenzív kutatások ellenére, még csak a kezdeteknél járunk, a mikroorganizmusoknak az élőlények fejlődésében, egészségében és betegségeiben játszott szerepeiről egyre több információ lát napvilágot.

A jelenleg elfogadott definíciót – amely megfogalmazza, hogy mit tekinthetünk probiotikumnak – 2001-ben a FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) határozta meg, mely szerint a probiotikumok olyan élő mikroorganizmusok, melyeket, ha megfelelő mennyiségben az adott élőlény szervezetébe juttatunk, azok jótékony hatást fejtenek ki a gazdára (HOTEL ÉS CORDOBA, 2001). Ma már elfogadott tény, hogy az élőlények tápcsatornájában található mikroorganizmusok egy komplex ökoszisztéma komponensei, és ennek az ökoszisztémának az egyensúlya meglehetősen fontos a gazda egészségének megóvása szempontjából, ugyanis a megváltozott egyensúly betegségek kialakulásához vezethet. Ugyanígy ma már elfogadott tény, hogy egyes mikroorganizmusok segítségével azonban a megbomlott egyensúly visszaállítható, segítve ezzel a gyógyulást, illetve a megelőzésben is jelentős szerepük van. Az ilyen jótékony tulajdonsággal rendelkező mikroorganizmusokat hívjuk probiotikumoknak.

A probiotikumok pozitív hatásai törzsspecifikusak, azaz ugyanannak a fajnak az egyik törzse lehet probiotikus, míg a másik nem (SERVIN, 2004), ezért a probiotikus tulajdonságok meglétének bizonyítása megkerülhetetlenül fontos az elismertetéshez és alkalmazáshoz. A tejsavbaktériumok (LAB) Gram-pozitív organizmusok, amelyek közül néhányat az Európai Élelmiszerbiztonsági Hatóság (EFSA) és az Egyesült Nemzetek Élelmezési és Mezőgazdasági Szervezete (FAO) „Általánosan biztonságosnak elismert (GRAS)” kategóriába sorolt, ezáltal probiotikumként és biotartósítószerként is használhatóak élelmiszerekben (DALIÉ ÉS MTSAL, 2010; SALMINEN ÉS MTSAL, 1998).

A probiotikumok jótékony hatásaik kifejezésére számos különböző hatásmechanizmussal rendelkeznek, melyek közül sokat még nem is ismerünk teljesen. Számos hatásmechanizmusukra azonban már fény derült. A magasabb rendű állatok, valamint az ember esetében a mikrobiota és a probiotikus baktériumok jelentős szerepet játszanak a test energiaháztartásának egyensúlyában, a pH-szabályozásában, részt vesznek a tápanyagok emésztésében (élelmi rostok fermentációjában, epesavak átalakításában) valamint táplálkozási szempontból fontos komponensek előállításában (vitaminok és aminosavak bioszintézisében), szabályzó képességgel bíró anyagcsere-termékek szintézisében (pl. rövid láncú zsírsavak termelése) (1. ábra).

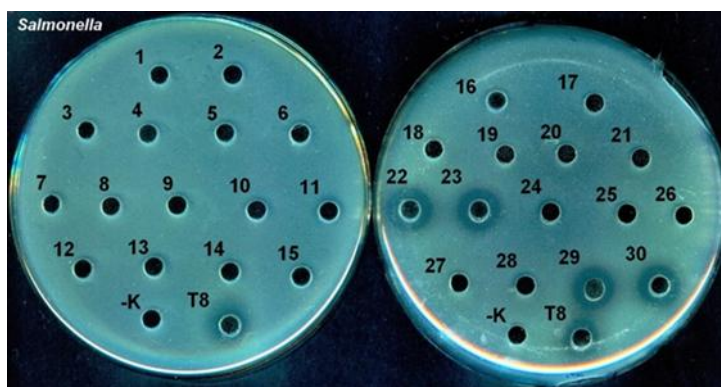


1. ábra. Probiotikumok szervezetre gyakorolt hatásai

(Forrás: DOWARAH ÉS MTSAL, [2017] alapján saját szerkesztés)

A mikrobiota fontos szerepet tölt be a szervezet védekezési rendszerében is, a patogén mikroorganizmusok elleni védekezés egyrészt a tápanyagokért folytatott versengésben, másrészt antimikrobiális anyagok kiválasztásában, továbbá a kórokozók bélfalon való megtapadásának kompetitív gátlása révén valósul meg. A probiotikumok hatékonyan képesek versengeni a bélhámsejtek receptoraiért a potenciális patogén mikroorganizmusokkal szemben, képesek kötődni a gazdaszervezet sejtjeihez, ezáltal 'kizárva' a kórokozókat, valamint képesek életben maradni az emésztőrendszerben és kolonizálni azt (MICHAİL ÉS ABERNATHY, 2002; SERVIN, 2004). Képesek ártalmatlanítani patogén baktériumok által termelt toxinokat (CAREY ÉS MTSAL, 2008), anyagcsere-folyamataik révén csökkenthetik a környezetük pH-értékét, illetve antimikrobiális anyagokat termelhetnek, ezzel visszaszorítva, vagy akár teljesen eliminálva számos potenciális kórokozót (ALAKOMI ÉS MTSAL, 2000; RUSZCZYŃSKI ÉS MTSAL, 2008; ELMER, 2001). Képesek stimulálni az immunrendszert a kórokozókkal szembeni hatékonyabb védekezést segítve (OHASHI ÉS USHIDA 2009; BYAKIKA ÉS MTSAL, 2019). A bélfalra gyakorolt hatás is kulcsfontosságú, befolyásolják mucosus rétegének szerkezetét, elősegítik a bélbolyhok fejlődését, szabályozzák a bélfal átjárhatóságát.

Az állattenyésztésben korábban hozamfokozóként alkalmazott antibiotikumok és különböző fémek sóinak további, ilyen célú felhasználása betiltásra került a világ számos országában, így hazánkban is. A tenyésztés hatékonyságának fokozását, a haszonállatok egészségének megőrzését célzó alternatívák közül a probiotikus mikroorganizmusok felhasználása megoldást kínálhat, mivel ezek antibakteriális anyagok termelésére képesek (2. ábra). Ezeket a várakozásokat számos tanulmány is alátámasztotta (YANG ÉS MTSAL, 2015; VALERIANO ÉS MTSAL, 2017). Példaként lehet felhozni, hogy probiotikus készítmény hatására visszaszorultak a kórokozók, valamint előnyös tulajdonságokkal rendelkező fajok, például *Lactobacillus*ok hatékonyabb kolonizációját figyelték meg az újszülött malacok emésztőrendszerében (BAKER ÉS MTSAL, 2013; COLLADO ÉS MTSAL, 2007).



-K: negatív kontroll, T8: pozitív kontroll, 1–30: MATE GBI-törzsgyűjtemény izolátumai
2. ábra. Antimikrobiális hatás vizsgálat *Salmonella*-tesztelő törzsekkel.
 A 22,23, 29 és 30 izolátum körül látható
 feltisztulási zóna jelzi az adott izolátum antimikrobiális hatásosságát

(Forrás: saját szerkesztés)

Összességében tehát elmondható, hogy a bélmikrobiota kulcsszerepet játszik a gazdaszervezet fiziológiai, fejlődési, táplálkozási és immunológiai folyamataiban, és befolyásolja a gazda egészségét és teljesítményét. A mikrobiota táplálkozási és védő funkciókat nyújt az állatoknak a gazdaszervezet immunitásának serkentésével és a kórokozók általi kolonizáció megakadályozásával. A probiotikus tulajdonsággal rendelkező mikroorganizmusok önmagukban és kombinációban egyaránt hatékonyak lehetnek a fertőzések, különösen a bakteriális megbetegedések megelőzésében és leküzdésében (pl. SINGH ÉS MTSAL, 2025).

2. A probiotikus törzsek előfordulása és izolálása, a probiotikus baktériumok genomja és a probiotikus tulajdonságokkal összefüggő gének

A baktériumok a környezetben szinte mindenhol fellelhetőek (3. ábra), és ehhez hasonlóan széles körű a probiotikus tulajdonságú mikroorganizmusok előfordulása is, melyek megtalálhatóak a növényeken, a talajban, vizekben, egyes élelmiszerekben és takarmányokban, valamint az állatok bélrendszerében és egyéb testüregeiben is. Változatos környezethez képesek alkalmazkodni és életműködésük révén jótékony hatást gyakorolnak a gazdaszervezetre.

A fermentált élelmiszereket, mint például joghurtot, kefirt, több baktérium szimbiózisával állítják elő. Ezekben a termékekben elsősorban *Lactobacillus*-, *Streptococcus*-, *Lactococcus*-, *Leuconostoc*-, *Bifidobacterium*-kultúrák és élesztőgombák találhatók (BOURRIE ÉS MTSAL, 2016; SOEMARIE ÉS MTSAL, 2021; VINDEROLA ÉS MTSAL, 2023). A fermentált takarmányok legnagyobb arányban tejsavtermelő baktériumokat tartalmaznak, de ezenkívül *Pediococcus*, *Clostridium* és élesztőgombák is találhatók bennük (PŁACHETA ÉS MTSAL, 2022).

Az emlősök béltraktusában körülbelül 500-1000 féle baktériumtörzs van (KIM ÉS ISAACSON, 2015). A bél mikrobiotája az adott fajra jellemző és nem statikus összetételű, hanem az életkor, a táplálkozás/takarmányozás, környezet, betegség hatására változó (HAN ÉS MTSAL, 2021). A gasztrointesztinális traktus szakaszonként funkcionálisan és anatómiailag is eltérő, emiatt változatos baktériumközösség alkotja a különböző részeit. Emlősökben jellemzően a kommenzális mikroflórát *Firmicutes* spp., *Bifidobacterium* spp., *Bacteroidetes* spp., *Streptococcus* spp., koliformok, vírusok, gombák alkotják (KIM ÉS ISAACSON, 2015).

A nyál szelektív antimikrobiális hatása miatt a szájban nem található nagyszámú mikroba. A *Lactobacillus* törzsek a teljes mikrobiom 1%-át teszik ki a nyálban és a nyálkahártyán. A tejjel való

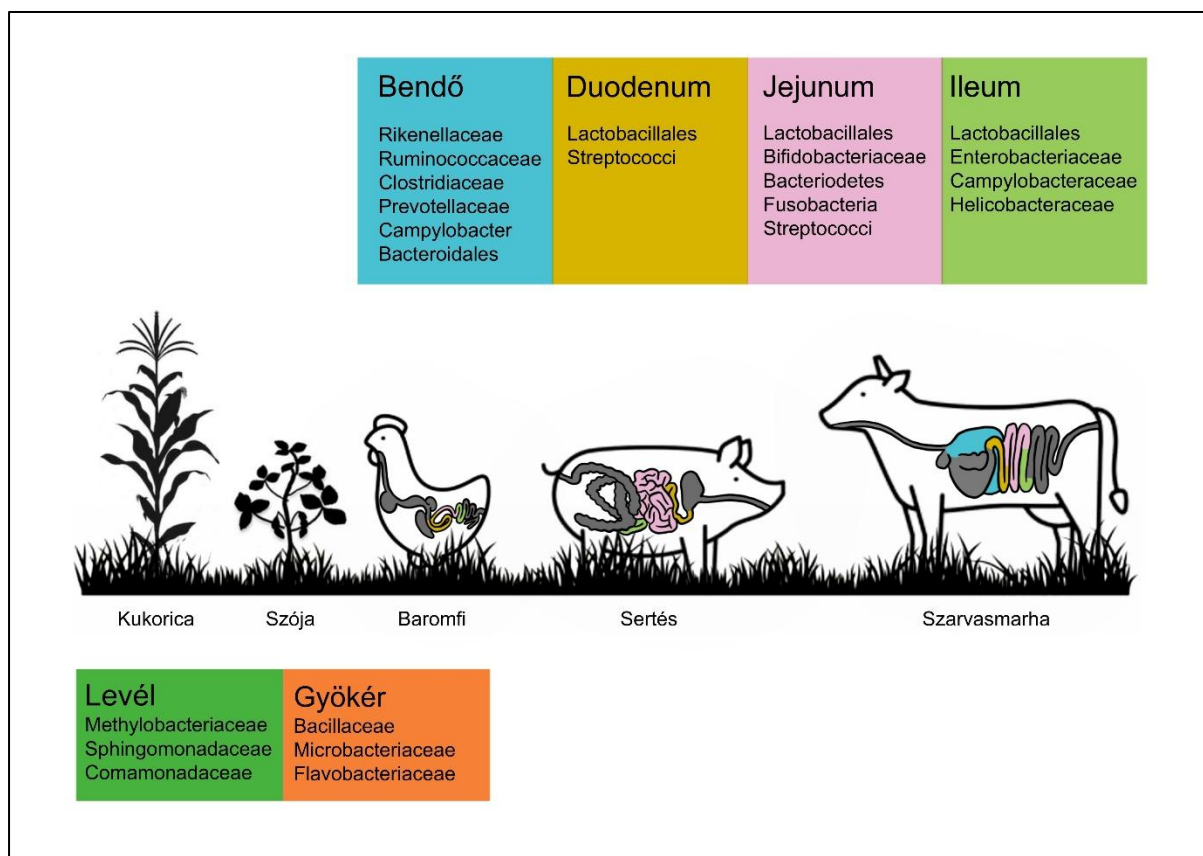
táplálás során a *Bifidobacterium*ok is megtalálhatóak itt (INCHINGOLO ÉS MTSAL, 2023; HAN ÉS MTSAL, 2021).

A gyomorban az alacsony pH-t és az emésztőenzimeket csak kevés mikroba képes tolerálni. Az itt élő domináns törzsek főként a *Streptococcus* és *Prevotella* nemzetség tagjai, melyek összesen 50%-os arányt képviselnek. A *Lactobacillus gasseri* és *L. johnsonii* képes az alacsony pH-t elviselni, és kis számban megtelepedni a gyomorban (KOGA, 2022).

A gyomorban zajló emésztési folyamat túlélése után a probiotikus baktériumok a vékony-, és a vastagbélben kolonizálódnak. Az ileumban általában az egyszerű cukrok hasznosítására képes mikrobapopuláció van jelen, mint például *Streptococcus* spp., *Escherichia coli*, *Clostridium* spp., *Lactobacillus* spp.. A vastagbélben élő fajok többségét a *Prevotellaceae*, *Lachnospiraceae* és *Rikenellaceae* törzsek tagjai alkotják, melyek az ileumból származó, emésztetlen komplex szénhidrátokat hasznosítják (SUN ÉS JIA, 2018; ÁLVAREZ-MERCADO ÉS PLAZA-DIAZ, 2022).

A mikrobapopuláció sűrűsége és diverzitása a duodenumtól (10^3 CFU/ml) az ileumon (akár 10^8 CFU/ml) át a vastagbélig növekszik (10^{11} CFU/ml) (WALTER, 2008). A *Lactobacillus*ok gyakoriak a sertések emésztőrendszerének proximális és disztális régióiban, és nem sokkal a születés után kolonizálódnak. Az ileumban, illetve a bél disztális szakaszában a teljes baktériumszám körülbelül 4%-át teszik ki (XU ÉS MTSAL, 2024). A proximális bél legdominánsabb tagja az *L. reuteri* (WALTER, 2008; OH ÉS MTSAL, 2010, VALERIANO ÉS MTSAL, 2016).

A vakbélben *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Clostridium* probiotikus törzsek élnek. Faecesmintákban is megtalálhatóak a különböző tejsavtermelő baktériumok.



3. ábra. A haszonnövények és az állatok béltraktusának általános bakteriális összetétele

(Forrás: IKEDA-OHTSUBO ÉS MTSAL. [2018]; GARDINER ÉS MTSAL. [2020]; TARDIOLO ÉS MTSAL. [2025] alapján saját szerkesztés)

Mivel a probiotikus törzsek előfordulása változatos, ezért számos forrásból lehet izolálni azokat. Az igényelt környezeti feltételek eltérő volta miatt tenyésztésükhöz többféle táptalajra és eltérő tenyésztési körülményekre (pl. inkubátorban töltött idő, hőmérséklet) lehet szükség. Az állatok (pl. sertés) bélrendszeréből származó béltartalom (*chymus*) -mintákat feldolgozásig 50%-os glicerint tartalmazó Eppendorf-csövekben tároljuk a mélyhűtőben ($-80\text{ }^{\circ}\text{C}$). Feldolgozás során az Eppendorf-csövekben levő minták részleteit tízes hígítási sorozatnak megfelelően, peptonos sóoldatban hígítjuk, majd táptalajra oltjuk több ismételtségekben. Általánosan a tejsavtermelő baktériumok kimutatására De Man-, Rogosa- és Sharpe-táptalajt (MRS), MRSCC-táptalajt (MRS kiegészítve maltózzal, fruktózzal, ciszteinnel és esetleg szacharózzal) használunk. A táptalajra oltást követően az egyes minták részleteit aerob és anaerob körülmények között egyaránt inkubáljuk (48 óra , $37\text{ }^{\circ}\text{C}$). Az inkubálási idő lejártá után a kinőtt telepek értékelhetőek és tisztíthatóak. A tisztítás után a pontos fajmeghatározás 16S rRNS-szekvenálással vagy MALDI-TOF-eljárással történik. Az állattenyésztésben általánosan alkalmazott probiotikus törzsek a *Lactobacillus*, *Pediococcus*, *Enterococcus* és a *Weissella* nemzetségekbe tartoznak, de ezeken kívül egyes, a *Bacillus* nemzetségbe tartozó törzseket és *Saccharomyces* élesztőgombákat is szoktak alkalmazni probiotikus tulajdonságaik miatt (PEREIRA ÉS MTSAL, 2022).

A probiotikumok jótékony hatásának kimutatására számos molekuláris és mikrobiológiai vizsgálat alkalmas. Az Európai Élelmiszerbiztonsági Hatóság (EFSA) ajánlása alapján bizonyos vizsgálatokat azonban mindenképp el kell végezni olyan újonnan izolált mikroorganizmusokon, melyek potenciálisan probiotikus takarmánykiegészítőkké válhatnak. Szükséges az izolátumok fajszerű azonosítása a teljes genom szekvenciaanalízisével (WGS). A szekvenciák vizsgálatával nem csak pontos fajmeghatározást végezhetünk, hanem információkat kaphatunk arról is, hogy milyen potenciálisan probiotikus tulajdonságokat kódoló génekkel rendelkezik az adott törzs. Azonban vannak olyan gének is, melyek meglete kifejezetten hátrányos és kizárhatja a törzset a probiotikum-fejlesztésből. Szükséges vizsgálni, hogy vannak-e esetleg virulenciafaktorai vagy szerzett antibiotikumrezisztencia-génjei, melyek esetleges meglete esetén bármilyen jótékony hatásai is vannak, biztosan nem lehet belőle probiotikum. Az izolátumok antibiotikumokkal szembeni érzékenységét fenotípusos vizsgálatokkal is ellenőrizni kell. Emellett szükséges vizsgálni, hogy az adott törzs rendelkezik-e antibakteriális hatással olyan potenciális patogén mikroorganizmusokkal szemben, mint például az *Escherichia coli*, vagy a *Staphylococcus aureus* és amennyiben rendelkezik, meg kell határozni a hatásért felelős anyagcseretermékeket (RYCHEN ÉS MTSAL, 2018).

A kereskedelmi forgalomban kapható és tudományosan vizsgált probiotikumok jelentős hányada a tejsavbaktériumok (LAB) közé tartozik. A LAB korai taxonómiai vizsgálatai főként a fenotípusos jellemzőkre támaszkodtak, mint például a szénhidrát-anyagcsere jellemzőire és a különböző táptalajokban, tenyésztési hőmérsékleten való növekedésre. A fenotípusos jellemzőkön alapuló osztályozást azonban könnyen befolyásolhatják a tenyésztési körülmények, és néhány nagyon hasonló baktériumfajt ezzel a módszerrel már nem lehet jól megkülönböztetni egymástól. Az új generációs genomszekvenálási technológiák és a bioinformatika gyors fejlődése azonban nagymértékben megkönnyítette e baktériumok átfogó genomikai jellemzését, valamint ezáltal a LAB-baktériumok rendszertanának további tisztázását (CLAEISSON ÉS MTSAL, 2007, LIU ÉS MTSAL, 2005, LI ÉS MTSAL, 2024).

A LAB-baktériumok számos fajt foglalnak magukba a *Lactobacillales* rendből (PFEILER ÉS KLAENAMMER, 2007), amelyek genomjának jellemzően alacsony a GC-tartalma, és a genomméretük körülbelül $1,8\text{ Mb}$ (*Oenococcus oeni*) és $3,3\text{ Mb}$ (*L. plantarum*) között változik. Sok tejsavbaktérium genomja csökkent bioszintetikus kapacitással rendelkezik. Ez genomdegradációs események következménye, és tükrözi a tápanyagokban gazdag környezetekhez, például a tejhez és/vagy a

gyomor-bél traktushoz való alkalmazkodásukat annak érdekében, hogy csak a rájuk jellemző élőhelyeken történő túléléséhez szükséges kulcsfontosságú géneket tartsák fenn (GUMUSTOP ÉS ORTAKCI, 2022). A genom redukciója általános tendencia volt a LAB evolúciója során. A *Lactobacillales* rendnek a *Bacilli* osztályon belüli elkülönülését 600–1200 gén elvesztése jellemezte, beleértve számos bioszintetikus enzimet kódoló gént. További funkcióvesztések közé tartoztak a sporulációval kapcsolatos gének, amelyek jellemzően sürgősségtelenek tápanyagban gazdag környezetben (MAKAROVA ÉS KOONIN, 2007). A génvesztések másik jelentős példája a *Streptococcus thermophilus* esetében történt, amely a kórokozó *Streptococcus* fajokból a virulenciához (azaz a patogenitáshoz) kapcsolódó gének elvesztése révén alakult ki (BOLOTIN ÉS MTSAL, 2004).

Ezzel összefüggésben a LAB-baktériumok által hordozott új gének is a tápanyagban gazdag életmód felé való elmozdulást tükrözik a specifikus niche-adaptációk eredményeképpen, és a *Lactobacillales* elkülönülését követően a szénhidrátok felvételében és anyagcseréjében résztvevő egyes gének duplikációja is bekövetkezett (MAKAROVA ÉS KOONIN, 2007). A gyomor-bél traktushoz való alkalmazkodás magában foglalta a stressztűréshez, valamint a bélhámsejtekhez történő tapadáshoz szükséges tulajdonságokat is (GRANGETTE ÉS MTSAL, 2005). Az *L. brevis* alkalmazkodása a különböző környezeti viszonyokhoz például alapvetően különféle plazmidok felvétele által biztosított genetikai tulajdonságokon alapul, nem pedig kromoszomális változásokon (FRAUNHOFER ÉS MTSAL, 2019).

Az egyes LAB-baktériumtörzsekhez kapcsolódó és egészségügyi előnyökkel járó (azaz probiotikus) tulajdonságok vizsgálatai évtizedek óta folynak (BAJAGAI ÉS MTSAL, 2016), és ezek a jellemzők, valamint az ezek kódolásáért felelős gének lényegében négy fő kategóriába sorolhatóak be (SALVETTI ÉS O'TOOLE, 2017):

(1) *In vivo* túlélési mechanizmusok a bélrendszerben: az életképes probiotikus baktériumok elérnek a bélben kifejtett hatásmechanizmusuk helyét (például savtűrés, epesavtűrés által).

(2) *In vivo* kolonizációs mechanizmusok a bélrendszerben: a probiotikus baktériumok megfelelő számának és a gazdasejtekkel való közvetlen kapcsolatának fenntartása (például biofilmképzés vagy adhézió által).

(3) A gazdaszervezetre gyakorolt közvetlen hatások: megváltozott gazdasejt- vagy szervfunkciók (például megváltozott immunsejtfunkciók, gyulladáscsökkentés, megváltozott citokintermelés révén).

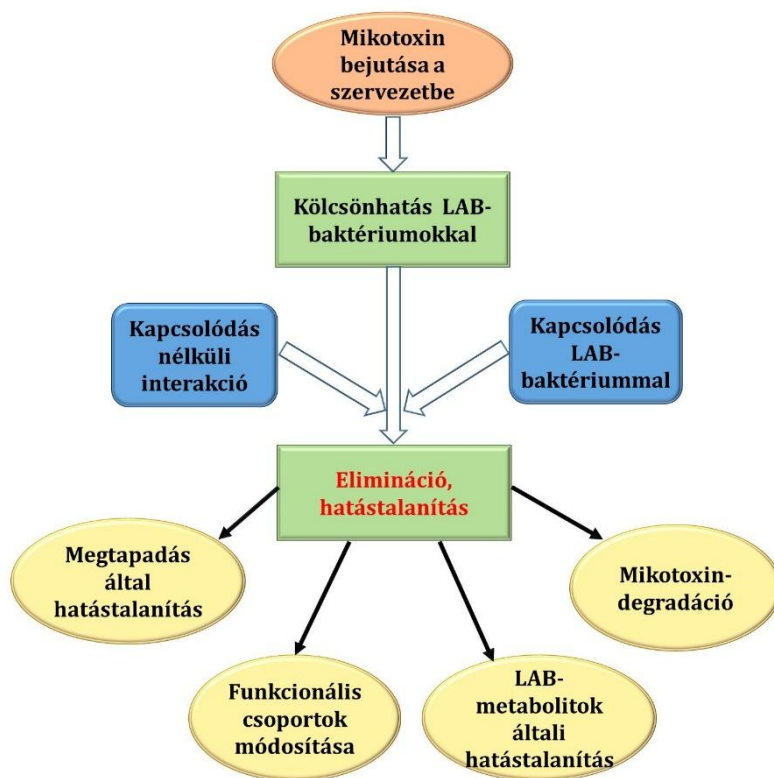
(4) A gazdaszervezet bélflórájára, és azon belül a kórokozókra gyakorolt hatások: a normális bélflóra helyreállítása, a kórokozók gátlása vagy kiszorítása (SALVETTI ÉS O'TOOLE, 2017).

Ezek közül csak a gazdaszervezetre gyakorolt jótékony hatások a szoros értelemben vett igazi „probiotikus” tulajdonságok és „probiotikus” gének, de mivel a jótékony hatások kiváltásának feltétele a probiotikus baktériumok túlélési képessége a béltraktusban, a probiotikus baktériumtörzsek fejlesztésére és a probiotikus tulajdonságok azonosítására irányuló kutatások hagyományosan magukban foglalják a túlélés és a bélrendszeri megtelepedés (a kolonizáció) elemzését, valamint a gazdaszervezet bélrendszerében rendelkezésre álló tápanyagokhoz történő adaptáció vizsgálatait is (HEMARAJATA ÉS VERSALOVIC, 2013; HILL ÉS MTSAL, 2014; KERESZTÉNY ÉS MTSAL, 2024; LEBEER ÉS MTSAL, 2008; SALVETTI ÉS O'TOOLE, 2017).

3. Probiotikus LAB-törzsek mikotoxin-elimináló hatása

Az utóbbi években hazánkban is egyre intenzívebb és hosszabb aszályos időszakok alakulnak ki, ez a tendencia pedig kedvez olyan növénypatogén gombafajok elterjedésének, melyek mikotoxinokat termelnek, így fokozódik az esélye ezen toxinok takarmányokban, élelmiszerláncban történő megjelenésének (NÉBIH, 2022). Ez pedig mind humán, mind állategészségügyi szempontból komoly fenyegetést jelent. Az élelmiszerek, takarmányok mikotoxin-szennyezettsége számos

megbetegedést okoz embereknél és állatoknál, mivel a mikotoxinok nemcsak mérgező hatásúak, hanem potenciálisan rákkeltő és teratogén hatásúak, sőt egyes esetekben szaporodásbiológiai hatásuk is ismert. A mikotoxinok biológiailag aktív vegyületekként képesek kötődni különböző anyagokhoz, így a szervezet bélfalához, az élelmiszerekhez és a takarmány összetevőikhez, sőt egyes baktériumokhoz (például: KABAK ÉS OZBEY 2012; KABAK ÉS MTSAL, 2009; ALASSANE-KPEMBI ÉS MTSAL, 2019) (4. ábra). A takarmány-alapanyagként felhasznált gabonafélék legtöbbje érzékeny a mikotoxinogén gombák általi szennyeződésre. A mikotoxin-kitettség tehát az állattenyésztők számára világszerte a legfontosabb prioritások közé tartozik. Ebből a szempontból a legfontosabb mikotoxinok a fumonizinek, különösen a fumonizin B1 (FB1), az aflatoxin (AFB), a dezoxinivalenol (DON) és a zearalenon (ZEA). A bélrendszer a szervezetbe bekerülő szennyező anyagok bejutásának első gátja, és következésképpen a táplálékban levő mikotoxinok első célpontja. A mikotoxinok élelmiszer- és takarmányszennyező anyagokként érintkeznek a bélnyálkahártyával, felszívódást követően a szervezet többi részébe jutva fejtik ki további káros hatásukat (PINTON ÉS OSWALD 2014; AKBARI ÉS MTSAL, 2017).



4. ábra. A *Lactobacillus*-csoport (LAB) általános szerepe a mikotoxinok hatástalanításában

(Forrás: PUNIA BANGAR ÉS MTSAL. [2022] alapján saját szerkesztés)

Bizonyos tejsavbaktériumok (LAB-törzsek, *Bacillus*, *Enterococcus* fajok) hatékonyan képesek eliminálni a mikotoxinokat (1. táblázat). Az eliminálásuk számos úton következhet be, amely két fő csoportba sorolható: egyrészt képesek bontani a mikotoxinokat, másrészt sejtlejük felületén képesek azokat megkötni és így hatástalanítani.

1. táblázat. Egyes LAB-törzsek mikotoxin-detoxifikáló képessége élelmiszerekben

LAB	Mikotoxin	Detoxifikálás %	Hivatkozás
<i>L. plantarum</i> és <i>L. fermentum</i>	AFB1	60	SHETTY ÉS JESPERSEN (2006)
<i>L. fermentum</i> , <i>L. casei</i> és <i>L. plantarum</i>	AFB1	25–61	FAZELI ÉS MTSAI. (2009)
<i>Enterococcus faecium</i> M74 és EF031	AFB1	19,3–37,5	TOPCU ÉS MTSAI. (2010)
<i>L. acidophilus</i> , <i>L. brevis</i> , <i>L. casei</i> , <i>L. delbrueckii</i> , és <i>L. plantarum</i>	AFB1	29,9	OLUWAFEMI ÉS MTSAL. (2010)
LAB-flóra (amahewu)	AFB1, FB1, ZEA	84–93	CHELULE ÉS MTSAI. (2010)
LAB és <i>S. cerevisiae</i>	AF	15	BIERNASIAK ÉS MTSAL. (2006)
<i>L. sakei</i> , <i>P. acidilactici</i> és <i>Pediococcus pentosaceus</i>	OTA	20	
	ZEA, DON, T-2	23	JUODEIKIENE ÉS MTSAL. (2018)
	HT-2	34–73	
<i>L. acidophilus</i>	AFB1	80	MARREZ ÉS MTSAI. (2018)
<i>Lactocaseibacillus</i> és <i>Bifidobacterium</i>	OTA	30–99	LUZ ÉS MTSAL. (2017)
<i>L. plantarum</i> UM55 CFS	AFB1, B2, G1, G2	16–97	GUIMARÃES ÉS MTSAL. (2018A)
<i>L. plantarum</i> UM55 és <i>L. buchneri</i> UTAD104	OTA	60	GUIMARÃES ÉS MTSAL. (2018B)
<i>Bifidobacterium bifidum</i> PTCC 1644 és <i>L. fer-</i> <i>mentum</i> PTCC 1744	AFB1, B2, G1, G2	88,8–99,8	GHAZVINI ÉS MTSAI. (2016)

(Forrás: NASROLLAHZADEH ÉS MTSAL. [2022] alapján)

Egyes LAB-törzsek nagymértékben hozzájárulnak a mikroszkópikus gombák mikotoxin-bioszintézisének csökkentéséhez. Például a *L. plantarum* UM55 és az *L. buchneri* UTAD104 sejtmentes felülúszója 60%-kal csökkentette a *Penicillium nordicum* OTA termelését. Továbbá azt is kimutatták, hogy az *L. plantarum* UM55 sejtmentes felülúszója 91%-kal gátolta az *Aspergillus flavus* AF termelését. A LAB antiaflatoxikus tulajdonságait a törzs tejsav, fenil-tejsav (PLA), hidroxifenil-tejsav (OH-PLA) és indol-tejsav (ILA) -termelésére való képességének tulajdonították (GUIMARÃES ÉS MTSAL., 2018a; 2018b).

Továbbá megerősítést nyert, hogy a LAB sejtmentes felülúszója hatásos lehet a mikotoxin-bioszintézis csökkenésében. SHEHATA ÉS MTSAL. (2019) szerint a *Lactobacillus* sp. RM1 sejtmentes felülúszója 10 és 15 mg/ml koncentrációban leállította az AF-termelést az *Aspergillus parasiticus* ITEM 11 és az *A. flavus* ITEM 698 törzsekben. Hasonlóképpen, az *A. carbonarius* ITEM 5010 OTA termelése körülbelül ötödére csökkent 10 mg/ml koncentrációjú felülúszónál, és 15 mg/ml koncentrációnál leállt (SHEHATA ÉS MTSAL., 2019).

A LAB által okozott mikotoxin-degradáció feltételezhető hátterével kapcsolatban több javaslat is született. Egyrészt a mikotoxin-termelés csökkenésének hátterében állhat az, hogy a LAB természetes lízise során olyan molekulák is felszabadulhatnak, amelyek gátolják a toxintermelő

gombák növekedését (DALIÉ ÉS MTSAL, 2010). Másrészt azt is felvetették, hogy a LAB által kiválasztott bioaktív vegyületek, mint például a zsírsavak, a szerves savak, a reuterin, a PLA, a peptidek és a ciklikus peptidek kölcsönhatásba lépnek a mikotoxinokkal; következésképpen csökkenthetik mennyiségüket az élelmiszerekben (MUHIALDIN ÉS MTSAL, 2020).

Összehasonlítva a LAB-ból termelődő fő savak AFB1 lebontásában való képességét azt találták, hogy az AFB1 lebontásában a tejsav volt a leghatékonyabb (AIKO ÉS MTSAL, 2016). Egy másik publikációban a *P. pentosaceus* sejtmentes felülúszójában lévő ciklikus dipeptid bizonyult az AF-termelés csökkentő hatásáért felelős fő anyagnak az *A. niger* esetében (EBRAHIMI ÉS MTSAL, 2020).

Összefoglalva azt kell kijelenteni, hogy egyes LAB-törzsek különböző mechanizmusok révén képesek egyes mikotoxinok lebontására vagy termelődésük gátlására. Azonban erre nem mindegyik törzs képes, így mindig ellenőrizni szükséges az adott LAB-törzs bontóképességét.

Egy ígéretes és alternatív útja a mikotoxinok eliminálására, kötődésük a baktériumokhoz. Ezek közül is kiemelkednek a LAB-törzsek. Tanulmányok kimutatták, hogy a natív fermentált élelmiszer-termékekből izolált, probiotikus tulajdonságokkal és mikotoxinkötő képességgel rendelkező LAB-kultúrák óriási értéket képviselhetnek az élelmiszerekben található mikotoxinok mennyiségének csökkentésében (DROBNA ÉS MTSAL, 2017; SHETTY ÉS JESPERSEN, 2006).

Lactobacillus fermentum-, *L. casei*- és *L. plantarum*-izolátumok AFM1 esetén 70-80% kötési hatékonyságot is elértek. A kísérletek során ezen izolátumok élő és élettelen sejtszuszpenzióival végzett kísérletei is hasonló mikotoxin-elimináló képességet mutattak (CRUZ ÉS MTSAL, 2020). A mikotoxinok megkötésére az élő és az elpusztult LAB-sejtek egyaránt képesek lehetnek. Ez utóbbira egy újabb példa, hogy nem volt szignifikáns különbség az életképes, valamint a hővel és sával előlt *L. rhamnosus* baktériumok AFB1 kötőképessége között (HASKARD ÉS MTSAL, 2001).

L. pentosus és *L. plantarum* törzsek hatékonyan képesek semlegesíteni fumonizineket is: FB1 esetén majdnem 60%, FB2 esetén pedig majdnem 90%-os megkötést sikerült elérni *in vitro* (ZHAO ÉS MTSAL, 2016). Probiotikus *L. reuteri*-izolátum *in vitro* emésztési modellrendszerben ZEA-kontaminált kukoricaliszt biotetoxifikációja során bizonyult hatásosnak (LIU ÉS MTSAL, 2019). *L. plantarum* törzsek által termelt anyagcseretermékek képesek lehetnek csökkenteni a DON toxikus hatásait a bélrendszerben (MAIDANA ÉS MTSAL, 2017).

A LAB-törzsek sejtfala peptidoglikán hálózattól áll, amelybe a sejtfalban jelen lévő egyéb fő anyagok, például a teichonsav, a lipoteichonsav és az S-réteg ágyazódik be (DELCOUR ÉS MTSAL, 1999). A sejtfal kötőfunkcióját, önmagukban vagy együttműködve, ezek a fő komponensek irányítják (HASKARD ÉS MTSAL, 2001). A LAB általi mikotoxin-méregtelenítés főként a mikotoxinok LAB-sejtfal peptidoglikán szerkezetéhez való kapcsolódásán alapul. Az AF *L. rhamnosus* sejtfalához való kötődésének mechanizmusát enzimkezelésekkel vizsgálva kimutatták, hogy az AF a sejtfal szénhidrát- és fehérjetartalmú komponenseihez kötődik. A LAB mikotoxin-kötéséről kimutatták, hogy a reakció kinetikája gyors, és a kötés mértéke függ a baktériumok denzitásától (KABAK ÉS OZBEY, 2012; LIU ÉS MTSAL, 2022).

Az *L. rhamnosus* LGG és LC 705, hatékonyan kötődik néhány gyakori *Fusarium* toxinhoz, mint például a DON, nivalenol, 3-acetil-dezoxinivalenol, diacetoxiszkirpenol, fuzarenon, T-2 toxin és HT-2 toxin (EL-NEZAMI ÉS MTSAL, 2002). A LAB-törzsek mikotoxinkötő tulajdonságai azonban erősen törzsspecifikusak, és nem mindegyik törzs képes minden mikotoxin megkötésére, sőt vannak olyan LAB-törzsek, melyek egyáltalán nem kötnek toxint.

Számos tényező befolyásolhatja a LAB-törzsek mikotoxin-elimináló hatását, így például a hőmérséklet, a pH, a sejtsűrűség, különböző ionok, vegyületek jelenléte, toxinkoncentráció, valamint a baktérium fiziológiai állapota.

A környezet hőmérséklete befolyásolhatja a mikotoxinszint bakteriális csökkentésének mértékét. Általánosságban a hőmérséklet egy adott szintig történő emelése növeli a *L. rhamnosus*

AFM1-kötő képességét (BOVO ÉS MTSAL, 2013). Azonban a *Lactobacillus* esetében, sok esetben van egy határ, amit átlépve a kötőképesség nem nő, hanem akár csökkenhet is (SHEHATA ÉS MTSAL, 2019).

Az inkubációs idő is számottevő befolyással bír a mikotoxinkötő képességre. Ötféle LAB-törzs AFB1-kötőképességét vizsgálva azt tapasztalták, hogy a kötődési képesség mértéke minden törzs esetében egyenesen arányos volt az AFB1-gyel történő inkubáció hosszával, kivéve a *L. mucosae* D törzset, amely idővel csökkent kötést mutatott (DROBNA ÉS MTSAL, 2017). Az FB1 esetében maga a kötődés nagyon rövid idő alatt megy végbe és utána a rendszertelítetté válik.

Vizsgálva a pH szerepét a LAB mikotoxin-eliminációjában azt tapasztalták, hogy az *L. plantarum* UM55 *A. flavus* elleni gátlása függött a sejtmentes felülszó pH-jától, és a sejtmentes felülszó koncentrációjának növekedésével nőtt (GUIMARÃES ÉS MTSAL, 2018a).

4. *In vitro* emésztési modellek, a probiotikus baktériumok tesztelése

A mikotoxinok alapvetően a táplálékkal jutnak az ember és az állatok szervezetébe, így az emésztőrendszerben zajló folyamatok döntő jelentőségűek abban a tekintetben, hogy ezeknek a káros szekunder metabolitoknak milyen hányada jut a felszívódást követően a vérkeringéssel a többi szervbe, ahol káros hatásukat ki tudják fejteni. A mikotoxinok biológiai hozzáférhetősége (bioaccessibility) alatt azt a hányadot értjük, amely potenciálisan felszívódásra alkalmas állapotban van jelen. Ennek értéke a gyakorlatban eltér ezeknek a toxikus metabolitoknak a biológiai elérhetőségtől (bioavailability), amely a felszívódást követően a szisztémás keringésbe jutó részt jelenti; azon elméleti legrosszabb esetet leszámítva, mikor a felszívódásra alkalmas hányad teljes mértékben eljut a szövetekhez (GONZÁLEZ-ARIAS ÉS MTSAL, 2013; PANDEY ÉS MTSAL, 2025; VERSANTVOORT ÉS MTSAL, 2005). A biológiai hozzáférhetőség, ebben az aspektusban, gyakorlatilag az orális biológiai elérhetőség maximumát jelenti; és emiatt fontos információt szolgáltat a táplálékban található toxikus anyagok kockázatának értékelése szempontjából, mivel csupán az elfogyasztott toxin mennyiségének ismerete nem ad tájékoztatást arról, hogy annak milyen hányada szívódhat fel maximálisan, és fejtheti ki károsító hatását a szervezetben. Humán és állategészségügyi jelentősége miatt a mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségének meghatározása alaposan tanulmányozott terület (DE ANGELIS, 2014; PANDEY ÉS MTSAL, 2025; REBELLATO ÉS MTSAL, 2021).

A táplálékeredetű mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségét legpontosabban állatkísérletekkel lehet meghatározni, azonban az *in vivo* vizsgálatok költsége, időigénye és etikai vonatkozásai miatt napjainkra elterjedté váltak a biológiai hozzáférhetőség megközelítő meghatározására lehetőséget nyújtó, az emésztést *in vitro* körülmények között szimuláló módszerek (PANDEY ÉS MTSAL, 2025; REBELLATO ÉS MTSAL, 2021). Ezek az eljárások általában az emésztőrendszer kezdeti és középső szakaszán végbemenő folyamatokat modellezik – mivel a felszívódási folyamatok döntő többsége ezalatt végbemegy – és használatukkal lehetőség van a száj-, gyomor- és a vékonybél-fázisban lejátszódó enzimes bontási folyamatok tanulmányozására (5.a és 5.b. ábra). A statikus *in vitro* emésztési modellben a táplálék és az enzimek, valamint az elektrolitok aránya konstans, és egy adott emésztési fázisban az emésztvény (*chimus*) pH-ja is állandó értékre van beállítva. Ezzel szemben a dinamikus modellek magukba foglalnak az emésztési folyamatokra ható egyéb, jóval komplexebb tényezőket is, mint a gyomornedv kiválasztásának dinamikája, a gyomor fokozatos kiürülése, a vékonybélnedv kiválasztásának üteme, a kémhatás folyamatos változása a táplálék emésztőrendszeren való áthaladása során, valamint a bélrendszerben megtalálható mikrobiom jelenléte. A dinamikus modellek képesek az emésztési folyamat időbeli lefutását (kinetikáját) szimulálni, így pontosabb képet adnak; azonban viszonylag komplex rendszerek, melyek fenntartási és üzemeltetési költségei nagyobbak, mint a statikus modellek esetében, így

elérhetőségük sok esetben korlátozottabb a kutatók számára (ANTAL ÉS MTSAL, 2020; WANG ÉS MTSAL, 2023).

A statikus módszerek nem teszik lehetővé az egyes emésztési fázisokban végbemenő folyamatok részletes kinetikai vizsgálatát, azonban az úgynevezett COST INFOGEST együttműködésben résztvevők által standardizált statikus *in vitro* humán emésztési modell az *in vivo* vizsgálatokkal jó egyezést mutatott az egyes emésztési fázisok végpontjai tekintetében (BRODKORB ÉS MTSAL, 2019).



5.a. és 5.b. ábra.

5. a. Az *in vitro* emésztésszimuláció során a centrifugacsövekben lévő emésztvények átfordulás keverőállványon helyezkednek el, miközben hőmérsékletüket állandó szinten tartjuk az inkubátorban

5. b. Az emésztvények folyadékfázisának mikotoxin-tartalmát általában nagyteljesítményű folyadékkromatográf-tömegspektrométer (HPLC-MS) készülékkel határozzák meg

(Forrás: saját készítés)

Az évezred elejétől kezdődően (AVANTAGGIATO ÉS MTSAL, 2003; VERSANTVORT ÉS MTSAL, 2005) egyre több közleményben hívták fel a figyelmet arra, hogy az emésztési modellek használata segítséget nyújthat a toxikus anyagok, így a mikotoxinok kockázatértékelésében is. Napjainkra az emésztésszimulációs módszerek alkalmazása széles körben elterjedté vált, a hagyományosnak számító táplálóanyag-emészthetőségi vizsgálatokon kívül, a mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségének meghatározása területén is. *In vitro* emésztési eljárás segítségével határozták meg a mikotoxinok hozzáférhetőségét egyes termékekben, például az aflatoxinét földimogyoróban (VERSANTVORT ÉS MTSAL, 2005) és növényi tejekben (ROMERO-SÁNCHEZ ÉS MTSAL, 2024), az ochratoxinét hajdinában (VERSANTVORT ÉS MTSAL, 2005) valamint a patulinét almából készült termékekben (juice, nektár és püré) (RAIOLA ÉS MTSAL, 2012).

Az emésztésszimulációs modellek, az egyes késztermékeken (élelmiszereken és takarmányokon) kívül alkalmazhatóak a mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségét befolyásoló gyártási tényezők (például egyes adalékanyagok, adszorbensek használata vagy hőközléssel járó lépések) vizsgálatára is. Ilyen módon értékelték az aktív szén és a kolesztiramin ZEA (AVANTAGGIATO ÉS MTSAL, 2003) valamint AF és OTA (VERSANTVORT ÉS MTSAL, 2005) megkötőképességét, a *Pleurotus ostreatus* gombából készített por detoxifikáló hatását OTA és ZEA mikotoxinoknál (NOBRE ÉS MTSAL, 2022), valamint a szőlőtörköly lehetséges szerepét az OTA eliminálásában (MANGIAPELO ÉS MTSAL, 2024). Továbbá, *in vitro* emésztést alkalmaztak annak érdekében, hogy feltárják az extrudálásnak (MASSAROLO ÉS MTSAL, 2021) valamint egy hidrotermikus kezelésnek (főzés) (MASSAROLO ÉS MTSAL, 2020) az AF hozzáférhetőségére gyakorolt hatását kukoricaőrleményekben.

A fumonizin mikotoxinok esetében emésztésszimulációt alkalmaztak a kukoricakása-készítés (FB1-3; DU PLESSIS ÉS MTSAL., 2020), főzés (FB1; MASSAROLO ÉS MTSAL., 2020) és izotiocianátos kezelés (FB2; MANYES ÉS MTSAL., 2014) biológiai hozzáférhetőségre gyakorolt hatásának vizsgálata érdekében.

A táplálékban található mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségét – gyakorlati szempontból – úgy határozzák meg, hogy az élelmiszer vagy takarmány *in vitro* emésztését követően (vagy az egyes emésztési fázisok után) az emésztvényt (*chimus*) centrifugálással és szűréssel folyadék- és szilárd fázisra választják szét, majd meghatározzák a folyadékfázisban jelen lévő mikotoxinok mennyiségét. Az így megmért mikotoxinhányadot tekintik úgy, hogy felszívódásra alkalmas állapotban van jelen (KABAK ÉS MTSAL., 2009; VERSANTVOORT ÉS MTSAL., 2005).

GONZÁLEZ-ARIAS ÉS MTSAL. (2013) definícióján alapulva, és a fenti értelmezést is figyelembe véve, a biológiai hozzáférhetőség – gyakorlati, metodikai szempontból – az alábbi módon határozható meg:

$$\text{Mikotoxin biológiai hozzáférhetősége (\%)} = \frac{\text{az emésztvény folyadékfázisában jelen lévő mikotoxin mennyisége emésztést követően}}{\text{a mikotoxin mennyisége a táplálékban emésztés előtt}} * 100$$

Az *in vitro* emésztési modellek használhatók egy adott táplálékban a mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségének meghatározására, valamint arra is, hogy fizikai, kémiai vagy biológiai kezeléseket értékeljünk abból a szempontból, hogy ezek milyen mértékben képesek ezeknek a toxikus anyagoknak a biológiai hozzáférhetőségét csökkenteni.

A mikotoxinok eliminálásának biológiai módszerei közé tartoznak azok, amikor mikrobák kötik meg vagy bontják le enzimes úton ezeket a mérgező vegyületeket (lásd „Probiotikus LAB-törzsek mikotoxin-elimináló hatása” fejezet). A fumonizin B mikotoxinok (FB) tekintetében számos pufferoldatban vagy mikrobiológiai tápközegben végzett vizsgálat igazolta, hogy többféle tejsavbaktérium-törzs képes ezekből az oldatokból jelentős mértékű FB-t eliminálni (DAWLAL ÉS MTSAL., 2019; NIDERKORN ÉS MTSAL., 2006; 2009; ZHAO ÉS MTSAL., 2016). Az oldott állapotú FB mennyiségének csökkentése feltehetőleg nem annyira a mikrobiális enzimes bontáson, hanem inkább a FB-sejtfalkomponenseken való megkötődésén alapul (DAWLAL ÉS MTSAL., 2019; NIDERKORN ÉS MTSAL., 2009; PIZZOLITTO ÉS MTSAL., 2012; ZHAO ÉS MTSAL., 2016).

Viszonylag kevés azon közlemények száma, ahol a baktériumok FB-kötő képességét élelmiszer vagy takarmány jelenlétében vizsgálták meg. NIDERKORN ÉS MTSAL. (2007) kukoricaextraktumhoz fumonizint adtak, a vizsgált *L. plantarum* törzs a FB1 9%-át, míg a FB2 22%-át kötötte meg. Ezzel szemben pufferoldatokban és tápközegekben más szerzők sokkal jelentősebb kötést figyeltek meg *L. plantarum* törzsek esetében: 55-65% FB1 és 90-95% FB2 (DAWLAL ÉS MTSAL., 2019); 72-74% FB1 és 82-92% FB2 (NIDERKORN ÉS MTSAL., 2006); valamint 25-30% FB1 és 80-90% FB2 (ZHAO ÉS MTSAL., 2016). Fenti vizsgálatok alapján nagyon valószínűnek tűnik, hogy a táplálékmátrix jelenléte hatást gyakorol a bakteriális kötés mértékére.

Feltételezhető, hogy a LAB FB-kötése nem csak oldatokban, hanem az élőlények szervezetében is jelentkezik, ahol ezek a baktériumok a mikrobiom szerves részei, illetve az emésztőrendszerbe a táplálékkal (például probiotikumok fogyasztásával) is bekerülhetnek. Amennyiben a bélrendszerben a probiotikumokkal oda jutott vagy ott élő mikrobák megkötik vagy lebontják a mikotoxinokat, azok biológiai hozzáférhetősége ezáltal változást, kedvező esetben csökkenést mutathat. A mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségének megváltozása baktériumok jelenlétében (modell-szinten) meghatározható *in vitro* emésztési modellek alkalmazásával, olyan módon, hogy egy adott élelmiszerhez vagy takarmányhoz meghatározott csíraszámban hozzáadjuk a vizsgálni kívánt törzset vagy izolátumot, majd az emésztésszimulációs módszernek megfelelő protokoll

alapján mesterséges emésztést végzünk. A mikotoxin biológiai hozzáférhetőségét a vizsgált törzs jelenlétében, illetve hiányában is meghatározzuk. Az alkalmazott törzs biológiai hozzáférhetőségre gyakorolt hatását az alábbi módon tudjuk kiszámítani:

$$\Delta B (\%) = \frac{(T - LT)}{T} * 100$$

ahol,

$\Delta B (\%)$ = a vizsgált mikotoxin biológiai hozzáférhetőségének csökkenése (%) az adott törzs hatására;

T = a mikotoxin mennyisége az emésztvény folyadékfázisában a vizsgált törzsek hiányában;

LT = a mikotoxin mennyisége az emésztvény folyadékfázisában a vizsgált törzsek jelenlétében.

Jelenleg még nincsenek bőséges ismereteink arról, hogy a szimulált emésztés során, különféle élelmiszer-mátrixok jelenlétében, a baktériumok milyen mértékben képesek csökkenteni az egyes mikotoxinok biológiai hozzáférhetőségét. A vizsgálatok főként az aflatoxinokra irányultak e tekintetben (KABAK ÉS MTSAL, 2009; KABAK ÉS OZBEY, 2012; SERRANO-NIÑO ÉS MTSAL, 2013; SALADINO ÉS MTSAL, 2018). A többi egészségi és gazdasági szempontból fontos mikotoxin esetében (mint például a fumonizin B) ezek a vizsgálatok ritkán fordulnak elő, vagy még meg sem történtek idáig; annak ellenére, hogy a táplálék jelenlétében, szimulált emésztés során meghatározott bakteriális elimináció mértéke valószínűleg közelebb állhat az *in vivo* emésztéskor kialakuló helyzethez, mint a különböző sóoldatokból (táplálék és az emésztési folyamat hiányában) végzett bakteriális kötéssel kapcsolatos vizsgálatok eredményei.

Elsőként KABAK ÉS MTSAL. (2009) elemezték probiotikus baktériumtörzsek AFB1-, valamint OTA-hozzáférhetőségére gyakorolt hatását, a toxinokkal természetes úton szennyeződött pisztácia- és hajdinamintákból, valamint mesterségesen szennyezett bébiételből. Az *in vitro* emésztés a VERSANTVOORT ÉS MTSAL. (2005) által leírt, a mikotoxinokra alkalmazható modellen alapult. Ez az eljárás szájúreg-, gyomor- és vékonybél-fázisból áll, és a vastagbél-fázist nem tartalmazza, mivel addigra a felszívódási folyamat döntő hányada már végbemegy (VERSANTVOORT ÉS MTSAL, 2005). A vizsgált törzsek nem, vagy csak mérsékelten csökkentették az AFB1 és az OTA biológiai hozzáférhetőségét (KABAK ÉS MTSAL, 2009). Ez alól kivételt képeztek a *L. acidophilus* törzsek, ahol 37% AFB1- (bébiétel), illetve 73% OTA- (hajdina) csökkenést figyeltek meg – azonban a vizsgált törzsek hozzáférhetőségre gyakorolt hatását erősen befolyásolta az, hogy melyik élelmiszer-mátrixnál és milyen mikotoxin-koncentrációnál alkalmazták azokat.

Szintén ez a kutatócsoport egy későbbi tanulmányban (KABAK ÉS OZBEY, 2012) AFB-vel és AFG-vel mesterségesen szennyezett élelmiszer-mintákat vizsgált (földimogyoró, pisztácia, mogyoró, füge, paprika, búza és kukorica). A mikotoxinokat oldat formájában adták a mintákhoz (ún. „spike-olás”). Az alkalmazott probiotikus baktériumok (*B. longum*, *L. rhamnosus*, *L. casei* és *L. acidophilus* törzsek) szignifikánsan csökkentették az AFB és AFG biológiai hozzáférhetőségét az aflatoxinokkal spike-olt élelmiszerekben. A csökkenés mértékét a baktériumokon kívül az élelmiszer-mátrix is befolyásolta.

SERRANO-NIÑO ÉS MTSAL. (2013) AFM1-gyel mesterségesen szennyezett tejhez adtak probiotikumokat (*Lactobacillus* és *Bifidobacterium* törzseket) és a biológiai hozzáférhetőséget az összes vizsgált törzs jelentősen (22,72–45,17%-kal) csökkentette.

SALADINO ÉS MTSAL. (2018) dinamikus emésztésszimulációs modellben vizsgálták, hogy probiotikumok (*Lactobacillus* és *Bifidobacterium* törzsek) hozzáadásával milyen mértékben lehet csökkenteni az AFB1 és az AFB2 biológiai hozzáférhetőségét aflatoxinnal mesterségesen szennyezett

(„spike-olt”) kenyérben. Az egyes törzsek által gyakorolt csökkentő hatás szignifikáns volt és tág határok között változott (11,43–98,66%).

Az *in vitro* emésztési modellben mért bakteriális kötés mértékét a mikroba-mikotoxin interakción kívül az is befolyásolja, hogy az élelmiszermátrixot és baktériumokat is tartalmazó rendszerekben a mikotoxinok több fázis között oszlanak meg. Ezek közé tartozik a baktériumok felülete (1); a folyadékfázis (2), amely valódi és kolloid oldat formájában tartalmazza az (eleve is oldott formában lévő, valamint az emésztés során oldatba jutó) tápanyagokat és egyéb (például toxikus) vegyületeket; valamint az adott élelmiszerrendszer nem megemésztett szilárd fázisa (3).

A mikotoxinok megkötődése a baktériumok felületén (1) reverzibilis és gyors kinetikájú folyamat (KABAK ÉS OZBEY, 2012; PIZZOLITTO ÉS MTSAL, 2012; LIU ÉS MTSAL, 2022). Ezenkívül valószínű, hogy az oldott formában jelen lévő mikotoxinok képesek nemcsak a baktériumokhoz, hanem az élelmiszermátrixhoz (3) is hozzákötődni az emésztés során. Utóbbi elképzelést az támasztja alá, hogy az AF-oldatokkal szennyezett élelmiszermintákban az AF biológiai hozzáférhetősége kevesebb volt, mint 100% (85,1–98,1%, KABAK ÉS OZBEY, 2012; 25–57% SALADINO ÉS MTSAL, 2018). A természetesen szennyezett mintákban a mikotoxinok egy része – eredendően – az élelmiszermátrixhoz kötött állapotban van jelen, és ez a toxinmennyiség a makromolekulák hidrolízisét követően (részlegesen) felszabadulhat az emésztés során (RYCHLIK és mtsai, 2014), és ezáltal a folyadékfázis mikotoxin-tartalmát növeli (2).

Az aflatoxinokkal kapcsolatos vizsgálatokban a biológiai hozzáférhetőség csökkenésének mértékét az alkalmazott törzseken és mikotoxinokon kívül az élelmiszermátrix és az *in vitro* emésztés/mintavétel módja egyaránt befolyásolta, és a mért értékek tág határok között változtak (KABAK ÉS MTSAL, 2009; KABAK ÉS OZBEY, 2012; SERRANO-NIÑO ÉS MTSAL, 2013; SALADINO ÉS MTSAL, 2018). Összességében elmondható, hogy a folyadékfázisban oldott formában jelen lévő mikotoxin-mennyiség (amely a biológiai hozzáférhetőség meghatározásának alapja) számtalan tényezőtől függ, és ezen tényezők változékonysága részben magyarázatul szolgálhat a vizsgálatok során sok esetben tapasztalt, jelentős eltérésekre. A fentiekből következik, hogy abban az esetben, amennyiben egy adott baktériumtörzs mikotoxin-elimináló képességét szeretnénk vizsgálni egy adott táplálék szimulált emésztése során, akkor célszerű a vizsgált törzs jelenlétében, illetve annak hiányában egyaránt meghatározni az emésztési modell folyadékfázisában található mikotoxin-mennyiséget, és ezen alapulva kiszámolni, hogy az alkalmazott baktérium hatására a mikotoxin biológiai hozzáférhetősége milyen mértékben változott meg.

5. Záró gondolatok és perspektívák

Az élelmiszerekben, takarmányokban található mikotoxinok nagyon komoly egészségügyi veszélyt jelentenek a fogyasztók számára. Ez a veszély a klímaváltozással egyre fokozódni fog. A mikotoxinok biológiai eliminálása kötődés és/vagy bontás révén nagy potenciállal rendelkezik az egészségügyi kockázatok és a gazdasági veszteségek csökkentésére. Bizonyos LAB-törzsekről kimutatták, hogy különböző mikotoxinokat képesek eltávolítani az élelmiszerekből, takarmányokból sejtfalukhoz kötődve vagy enzimes bontással. Ezért alkalmazásuk perspektivikus, mivel relatív egyszerűen alkalmazhatók és viszonylagosan olcsók. Azonban az elmúlt években történt fontos előrelépések ellenére, a gombaellenes aktivitással rendelkező LAB-törzsek és hatóanyagaik kimutatásában, valamint alkalmazási lehetőségeik meghatározásában még további kutatások, innovációk szükségesek alkalmazásukhoz. Így továbbra is szükséges a LAB méregtelenítő mechanizmusának biokémiai genetikai, molekuláris biológiai alapjainak további vizsgálata. A LAB méregtelenítő biokémiai útvonalainak jobb megértése betekintést nyújthat a potenciális mikotoxin-méregtelenítő bioaktív vegyületek alkalmazásába is.

Köszönetnyilvánítás

A publikáció az „Agrár biotechnológia és precíziós nemesítés az élelmiszerbiztonságért” elnevezésű és RRF-2.3.1-21-2022-00007 számú projekt keretében készült.

Irodalom

- AIKO, V., EDAMANA, P., & MEHTA, A. (2016). Decomposition and detoxification of aflatoxin B1 by lactic acid. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 96(6), 1959–1966. <https://doi.org/10.1002/jsfa.7304>
- AKBARI, P., BRABER, S., VARASTE, S., ALIZADEH, A., GARSSSEN, J., & FINK-GREMME, J. (2017). The intestinal barrier as an emerging target in the toxicological assessment of mycotoxins. *Archives of Toxicology*, 91(3), 1007–1029. <https://doi.org/10.1007/s00204-016-1794-8>
- ALAKOMI, H.-L., SKYTÄ, E., SAARELA, M., MATTILA-SANDHOLM, T., LATVA-KALA, K., & HELANDER, I. M. (2000). Lactic acid permeabilizes gram-negative bacteria by disrupting the outer membrane. *Applied and Environmental Microbiology*, 66(5), 2001–2005. <https://doi.org/10.1128/AEM.66.5.2001-2005.2000>
- ALASSANE-KPEMBI, I., PINTON, P., & OSWALD, I. P. (2019). Effects of mycotoxins on the intestine. *Toxins*, 11(3), 159. <https://doi.org/10.3390/toxins11030159>
- ÁLVAREZ-MERCADO, A. I., & PLAZA-DÍAZ, J. (2022). Dietary polysaccharides as modulators of the gut microbiota ecosystem: an update on their impact on health. *Nutrients*, 14(19), 4116. <https://doi.org/10.3390/nu14194116>
- ANTAL, O., SZERDAHELYI, E., & TAKÁCS, K. (2020). In vitro humán emésztési modellek alkalmazása a táplálkozástudomány területén (Application of in vitro human digestion models in the field of nutrition science.) *Élelmiszervizsgálati Közlemények*, 66(4), 3140–3157. <https://www.researchgate.net/publication/348809601>
- AVANTAGGIATO, G., HAVENAAR, R., & VISCONTI, A. (2003). Assessing the zearalenone-binding activity of adsorbent materials during passage through a dynamic in vitro gastrointestinal model. *Food and Chemical Toxicology*, 41(10), 1283–1290. [https://doi.org/10.1016/S0278-6915\(03\)00113-3](https://doi.org/10.1016/S0278-6915(03)00113-3)
- BAJAGAI, Y. S., KLIEVE, A. V., DART, P. J., & BRYDEN, W. L. (2016). Probiotics in animal nutrition: production, impact and regulation. In H. P. S. Makkar (Ed.) *Food and Agriculture Organisation of the United Nations*. pp. 179, Rome. <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:80926492>
- BAKER, A. A., DAVIS, E., SPENCER, J. D., MOSER, R., & REHBERGER, T. (2013). The effect of a *Bacillus*-based direct-fed microbial supplemented to sows on the gastrointestinal microbiota of their neonatal piglets. *Journal of Animal Science*, 91(7), 3390–3399. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5821>
- BIERNASIAK, J., PIOTROWSKA, M., & LIBUDZISZ, Z. (2006). Detoxification of mycotoxins by probiotic preparation for broiler chickens. *Mycotoxin Research*, 22(4), 230–235. <https://doi.org/10.1007/BF02946747>
- BOLOTIN, A., QUINQUIS, B., RENAULT, P., SOROKIN, A., EHRLICH, S. D., KULAKAUSKAS, S., LAPIDUS, A., GOLTSMAN, E., MAZUR, M., PUSCH, G. D., FONSTEIN, M., OVERBEEK, R., KYPRIDES, N., PURNELLE, B., PROZZI, D., NGUI, K., MASUY, D., HANCY, F., BURTEAU, S., BOURTY, M., DELCOUR, J., GOFFEAU, A., & HOLS, P. (2004). Complete sequence and comparative genome analysis of the dairy bacterium *Streptococcus thermophilus*. *Nature Biotechnology*, 22(12), 1554–1558. <https://doi.org/10.1038/nbt1034>
- BOURRIE, B. C. T., WILLING, B. P., & COTTER, P. D. (2016). The microbiota and health promoting characteristics of the fermented beverage kefir. *Frontiers in Microbiology*, 7, 196946. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00647>
- BOVO, F., CORASSIN, C. H., ROSIM, R. E., & DE OLIVEIRA, C. A. F. (2013). Efficiency of lactic acid bacteria strains for decontamination of aflatoxin M1 in phosphate buffer saline solution and in skimmed milk. *Food and Bioprocess Technology*, 6(8), 2230–2234. <https://doi.org/10.1007/s11947-011-0770-9>
- BRODKORB, A., EGGER, L., ALMINGER, M., ALVITO, P., ASSUNÇÃO, R., BALLANCE, S., BOHN, T., BOURLIEU-LACANAL, C., BOUTROU, R., CARRIÈRE, F., CLEMENTE, A., CORREDIG, M., DUPONT, D., DUFOUR, C., EDWARDS, C., GOLDING, M., KARAKAYA, S., KIRKHUS, B., LE FEUNTEUN, S., LESMES, U., MACIERZANKA, A., MACKIE, A. R., MARTINS, C., MARZE, S., MCCLEMENTS, D. J., MÉNARD, O., MINEKUS, M., PRITTMANN, R., SANTOS, C. N., SOUCHON, I., SINGH, R. P., VEGARUD, G. E., WICKHAM, M. S. J., WEITSCHIES, W., & RECIO, I. (2019). INFOGEST static in vitro simulation of gastrointestinal food digestion. *Nature Protocols*, 14(4), 991–1014. <https://doi.org/10.1038/s41596-018-0119-1>
- BYAKIKA, S., MUKISA, I. M., BYARUHANGA, Y. B., & MUYANJA, C. (2019). A review of criteria and methods for evaluating the probiotic potential of microorganisms. *Food Reviews International*, 35(5), 427–466. <https://doi.org/10.1080/87559129.2019.1584815>
- CAREY, C. M., KOSTRZYNSKA, M., OJHA, S., & THOMPSON, S. (2008). The effect of probiotics and organic acids on Shiga-toxin 2 gene expression in enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7. *Journal of Microbiological Methods*, 73(2), 125–132. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2008.01.014>

- CHELULE, P. K., MBONGWA, H. P., CARRIES, S., & GQALENI, N. (2010). Lactic acid fermentation improves the quality of amahewu, a traditional South African maize-based porridge. *Food Chemistry*, 122(3), 656–661. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2010.03.026>
- CLAESSON, M. J., VAN SINDEREN, D., & O'TOOLE, P. W. (2007). The genus *Lactobacillus* - a genomic basis for understanding its diversity. *FEMS Microbiology Letters*, 269(1), 22–28. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2006.00596.x>
- COLLADO, M. C., GRZEŠKOWIAK, Ł., & SALMINEN, S. (2007). Probiotic strains and their combination inhibit in vitro adhesion of pathogens to pig intestinal mucosa. *Current Microbiology*, 55(3), 260–265. <https://doi.org/10.1007/s00284-007-0144-8>
- CRUZ, P. O. DA, MATOS, C. J. DE, NASCIMENTO, Y. M., TAVARES, J. F., SOUZA, E. L. DE, & MAGALHÃES, H. I. F. (2020). Efficacy of potentially probiotic fruit-derived *Lactobacillus fermentum*, *L. paracasei* and *L. plantarum* to remove aflatoxin M1 in vitro. *Toxins*, 13(1), 4. <https://doi.org/10.3390/toxins13010004>
- DALIÉ, D. K. D., DESCHAMPS, A. M., & RICHARD-FORGET, F. (2010). Lactic acid bacteria – Potential for control of mould growth and mycotoxins: A review. *Food Control*, 21(4), 370–380. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2009.07.011>
- DAWLAL, P., BRABET, C., THANTSHA, M. S., & BUYS, E. M. (2019). Visualisation and quantification of fumonisins bound by lactic acid bacteria isolates from traditional African maize-based fermented cereals, ogi and mahewu. *Food Additives and Contaminants - Part A Chemistry, Analysis, Control, Exposure and Risk Assessment*, 36(2), 296–307. <https://doi.org/10.1080/19440049.2018.1562234>
- DE ANGELIS, E., MONACI, L., MACKIE, A., SALT, L., & VISCONTI, A. (2014). Bioaccessibility of T-2 and HT-2 toxins in mycotoxin contaminated bread models submitted to in vitro human digestion. *Innovative Food Science and Emerging Technologies*, 22, 248–256. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2013.11.011>
- DELCOUR, J., FERAIN, T., DEGHORAIN, M., PALUMBO, E., & HOLS, P. (1999). The biosynthesis and functionality of the cell-wall of lactic acid bacteria. *Antonie van Leeuwenhoek*, 76(1–4), 159–184. <https://doi.org/10.1023/A:1002089722581>
- DOWARAH, R., VERMA, A. K., & AGARWAL, N. (2017). The use of *Lactobacillus* as an alternative of antibiotic growth promoters in pigs: A review. *Animal Nutrition*, 3(1), 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2016.11.002>
- DROBNA, E., RAUOVA, D., MAJEKOVA, H., GREIF, G. & MIKUS, P. (2017). Antifungal activity and aflatoxin binding ability of *Lactobacillus* species isolated from lamb and goatling stomach mucus. *Journal of Food & Nutrition Research*, 56(3), 255–264.
- DU PLESSIS, B., REGNIER, T., COMBRINCK, S., STEENKAMP, P., & MEYER, H. (2020). Investigation of fumonisin interaction with maize macrocomponents and its bioaccessibility from porridge using the dynamic tiny-TIM gastrointestinal model. *Food Control*, 113, 107165. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107165>
- EBRAHIMI, M., SADEGHI, A., & MORTAZAVI, S. A. (2020). The use of cyclic dipeptide producing LAB with potent anti-aflatoxigenic capability to improve techno-functional properties of clean-label bread. *Annals of Microbiology*, 70(1), 24. <https://doi.org/10.1186/s13213-020-01571-y>
- ELMER, G. W. (2001). Probiotics: “living drugs.” *American Journal of Health-System Pharmacy*, 58(12), 1101–1109. <https://doi.org/10.1093/ajhp/58.12.1101>
- EL-NEZAMI, H., POLYCHRONAKI, N., SALMINEN, S., & MYKKÄNEN, H. (2002). Binding rather than metabolism may explain the interaction of two food-grade *Lactobacillus* Strains with zearalenone and its derivative α -zearalenol. *Applied and Environmental Microbiology*, 68(7), 3545–3549. <https://doi.org/10.1128/AEM.68.7.3545-3549.2002>
- FAZELI, M. R., HAJIMOHAMMADALI, M., MOSHKANI, A., SAMADI, N., JAMALIFAR, H., KHOSHAYAND, M. R., VAGHARI, E., & POURAGHI, S. (2009). Aflatoxin B1 binding capacity of autochthonous strains of lactic acid bacteria. *Journal of Food Protection*, 72(1), 189–192. <https://doi.org/10.4315/0362-028X-72.1.189>
- FRAUNHOFER, M. E., GEISLER, A. J., BEHR, J., & VOGEL, R. F. (2019). Comparative genomics of *Lactobacillus brevis* reveals a significant plasmidome overlap of brewery and insect isolates. *Current Microbiology*, 76(1), 37–47. <https://doi.org/10.1007/s00284-018-1581-2>
- GARDINER, G. E., METZLER-ZEBEL, B. U., & LAWLOR, P. G. (2020). Impact of intestinal microbiota on growth and feed efficiency in pigs: a review. *Microorganisms*, 8(12), 1886. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8121886>
- GHAZVINI, R. D., KOUHSARI, E., ZIBAFAR, E., HASHEMI, S. J., AMINI, A., & NIKNEJAD, F. (2016). Antifungal activity and aflatoxin degradation of *Bifidobacterium bifidum* and *Lactobacillus fermentum* against toxigenic *Aspergillus parasiticus*. *The Open Microbiology Journal*, 10(1), 197–201. <https://doi.org/10.2174/1874285801610010197>
- GONZÁLEZ-ARIAS, C. A., MARÍN, S., SANCHIS, V., & RAMOS, A. J. (2013). Mycotoxin bioaccessibility/absorption assessment using in vitro digestion models: A review. *World Mycotoxin Journal*, 6(2), 167–184. <https://doi.org/10.3920/WMJ2012.1521>

- GRANGETTE, C., NUTTEN, S., PALUMBO, E., MORATH, S., HERMANN, C., DEWULF, J., POT, B., HARTUNG, T., HOLS, P., & MERCENIER, A. (2005). Enhanced antiinflammatory capacity of a *Lactobacillus plantarum* mutant synthesizing modified teichoic acids. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(29), 10321–10326. <https://doi.org/10.1073/pnas.0504084102>
- GUIMARÃES, A., SANTIAGO, A., TEIXEIRA, J. A., VENÂNCIO, A., & ABRUNHOSA, L. (2018a). Anti-aflatoxigenic effect of organic acids produced by *Lactobacillus plantarum*. *International Journal of Food Microbiology*, 264, 31–38. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2017.10.025>
- GUIMARÃES, A., VENANCIO, A., & ABRUNHOSA, L. (2018b). Antifungal effect of organic acids from lactic acid bacteria on *Penicillium nordicum*. *Food Additives & Contaminants: Part A*, 35(9), 1803–1818. <https://doi.org/10.1080/19440049.2018.1500718>
- GUMUSTOP, I., & ORTAKCI, F. (2022). Comparative genomics of *Leuconostoc lactis* strains isolated from human gastrointestinal system and fermented foods microbiomes. *BMC Genomic Data*, 23(1), 61. <https://doi.org/10.1186/s12863-022-01074-6>
- HAN, S., LU, Y., XIE, J., FEI, Y., ZHENG, G., WANG, Z., LIU, J., LV, L., LING, Z., BERGLUND, B., YAO, M., & LI, L. (2021). Probiotic gastrointestinal transit and colonization after oral administration: a long journey. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, 609722. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.609722>
- HASKARD, C. A., EL-NEZAMI, H. S., KANKAANPÄÄ, P. E., SALMINEN, S., & AHOKAS, J. T. (2001). Surface binding of Aflatoxin B 1 by lactic acid bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 67(7), 3086–3091. <https://doi.org/10.1128/AEM.67.7.3086-3091.2001>
- HEMARAJATA, P., & VERSALOVIC, J. (2013). Effects of probiotics on gut microbiota: mechanisms of intestinal immunomodulation and neuromodulation. *Therapeutic Advances in Gastroenterology*, 6(1), 39–51. <https://doi.org/10.1177/1756283X12459294>
- HILL, C., GUARNER, F., REID, G., GIBSON, G. R., MERENSTEIN, D. J., POT, B., MORELLI, L., CANANI, R. B., FLINT, H. J., SALMINEN, S., CALDER, P. C., & SANDERS, M. E. (2014). The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of the term probiotic. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 11(8), 506–514. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2014.66>
- HOTEL, A. C. P., & CORDOBA, A. (2001). Health and nutritional properties of probiotics in food including powder milk with live lactic acid bacteria. *Prevention*, 5(1), 1–10.
- IKEDA-OHTSUBO, W., BRUGMAN, S., WARDEN, C. H., REBEL, J. M. J., FOLKERTS, G., & PIETERSE, C. M. J. (2018). How can we define “optimal microbiota?”: A comparative review of structure and functions of microbiota of animals, fish, and plants in agriculture. *Frontiers in Nutrition*, 5. <https://doi.org/10.3389/fnut.2018.00090>
- INCHINGOLO, F., INCHINGOLO, A. M., MALCANGI, G., DE LEONARDIS, N., SARDANO, R., PEZZOLLA, C., DE RUVO, E., DI VENERE, D., PALERMO, A., INCHINGOLO, A. D., CORRIERO, A., & DIPALMA, G. (2023). The benefits of probiotics on oral health: systematic review of the literature. *Pharmaceuticals*, 16(9), 1313. <https://doi.org/10.3390/ph16091313>
- JUODEIKIENE, G., BARTKIENE, E., CERNAUSKAS, D., CIZEIKIENE, D., ZADEIKE, D., LELE, V., & BARTKEVICS, V. (2018). Antifungal activity of lactic acid bacteria and their application for *Fusarium* mycotoxin reduction in malting wheat grains. *LWT*, 89, 307–314. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2017.10.061>
- KABAK, B., BRANDON, E. F. A., VAR, I., BLOKLAND, M., & SIPS, A. J. A. M. (2009). Effects of probiotic bacteria on the bioaccessibility of aflatoxin B 1 and ochratoxin A using an in vitro digestion model under fed conditions. *Journal of Environmental Science and Health, Part B*, 44(5), 472–480. <https://doi.org/10.1080/03601230902935154>
- KABAK, B., & OZBEY, F. (2012). Assessment of the bioaccessibility of aflatoxins from various food matrices using an in vitro digestion model, and the efficacy of probiotic bacteria in reducing bioaccessibility. *Journal of Food Composition and Analysis*, 27(1), 21–31. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2012.04.006>
- KERESZTÉNY, T., LIBISCH, B., ORBE, S. C., NAGY, T., KERÉNYI, Z., KOCSIS, R., POSTA, K., PAPP, P. P., & OLASZ, F. (2024). Isolation and characterization of lactic acid bacteria with probiotic attributes from different parts of the gastrointestinal tract of free-living wild boars in Hungary. *Probiotics and Antimicrobial Proteins*, 16(4), 1221–1239. <https://doi.org/10.1007/s12602-023-10113-2>
- KIM, H. B., & ISAACSON, R. E. (2015). The pig gut microbial diversity: Understanding the pig gut microbial ecology through the next generation high throughput sequencing. *Veterinary Microbiology*, 177(3–4), 242–251. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.03.014>
- KOGA, Y. (2022). Microbiota in the stomach and application of probiotics to gastroduodenal diseases. *World Journal of Gastroenterology*, 28(47), 6702–6715. <https://doi.org/10.3748/wjg.v28.i47.6702>
- LEBEER, S., VANDERLEYDEN, J., & DE KEERSMAECKER, S. C. J. (2008). Genes and molecules of *Lactobacilli* supporting probiotic action. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 72(4), 728–764. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00017-08>

- LI, W., WU, Q., KWOK, L., ZHANG, H., GAN, R., & SUN, Z. (2024). Population and functional genomics of lactic acid bacteria, an important group of food microorganism: Current knowledge, challenges, and perspectives. *Food Frontiers*, 5(1), 3–23. <https://doi.org/10.1002/fft2.321>
- LIU, F., MALAPHAN, W., XING, F., & YU, B. (2019). Biodetoxification of fungal mycotoxins zearalenone by engineered probiotic bacterium *Lactobacillus reuteri* with surface-displayed lactonohydrolase. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 103(21–22), 8813–8824. <https://doi.org/10.1007/s00253-019-10153-1>
- LIU, L., XIE, M., & WEI, D. (2022). Biological detoxification of mycotoxins: current status and future advances. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(3), 1064. <https://doi.org/10.3390/ijms23031064>
- LIU, M., VAN ENCKEVORT, F. H. J., & SIEZEN, R. J. (2005). Genome update: lactic acid bacteria genome sequencing is booming. *Microbiology*, 151(12), 3811–3814. <https://doi.org/10.1099/mic.0.28557-0>
- LUZ, C., SALADINO, F., LUCIANO, F. B., MAÑES, J., & MECA, G. (2017). In vitro antifungal activity of bioactive peptides produced by *Lactobacillus plantarum* against *Aspergillus parasiticus* and *Penicillium expansum*. *LWT - Food Science and Technology*, 81, 128–135. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2017.03.053>
- MAIDANA, L. G., GEREZ, J., PINHO, F., GARCIA, S., & BRACARENSE, A. P. F. L. (2017). *Lactobacillus plantarum* culture supernatants improve intestinal tissue exposed to deoxynivalenol. *Experimental and Toxicologic Pathology*, 69(8), 666–671. <https://doi.org/10.1016/j.etp.2017.06.005>
- MAKAROVA, K. S., & KOONIN, E. V. (2007). Evolutionary genomics of lactic acid bacteria. *Journal of Bacteriology*, 189(4), 1199–1208. <https://doi.org/10.1128/JB.01351-06>
- MANGIAPELO, L., FRANGIAMONE, M., VILA-DONAT, P., PASCA, D., IANNI, F., COSSIGNANI, L., & MANYES, L. (2024). Grape pomace as a novel functional ingredient: Mitigating ochratoxin A bioaccessibility and unraveling cytoprotective mechanisms in vitro. *Current Research in Food Science*, 9, 100800. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2024.100800>
- MANYES, L., RUIZ, M. J., LUCIANO, F. B., & MECA, G. (2014). Bioaccessibility and bioavailability of fumonisin B2 and its reaction products with isothiocyanates through a simulated gastrointestinal digestion system. *Food Control*, 37(1), 326–335. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2013.09.056>
- MARREZ, D. A., SHAHY, E. M., EL-SAYED, H. S., & SULTAN, Y. Y. (2018). Detoxification of aflatoxin B1 in milk using lactic acid bacteria. *Journal of Biological Sciences*, 18(3), 144–151. <https://doi.org/10.3923/jbs.2018.144.151>
- MASSAROLO, K. C., FERREIRA, C. F. J., COLLAZZO, C. C., BIANCHINI, A., KUPSKI, L., & BADIALE-FURLONG, E. (2020). Resistant starch and hydrothermal treatment of cornmeal: Factors in aflatoxins and fumonisin B1 reduction and bioaccessibility. *Food Control*, 114, 107274. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107274>
- MASSAROLO, K. C., MENDOZA, J. R., VERMA, T., KUPSKI, L., BADIALE-FURLONG, E., & BIANCHINI, A. (2021). Fate of aflatoxins in cornmeal during single-screw extrusion: A bioaccessibility approach. *LWT*, 138, 110734. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.110734>
- MICHAIL, S., & ABERNATHY, F. (2002). *Lactobacillus plantarum* reduces the in vitro secretory response of intestinal epithelial cells to enteropathogenic *Escherichia coli* infection. *Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition*, 35(3), 350–355. <https://doi.org/10.1002/j.1536-4801.2002.tb07833.x>
- MUHIALDIN, B. J., SAARI, N., & MEOR HUSSIN, A. S. (2020). Review on the biological detoxification of mycotoxins using lactic acid bacteria to enhance the sustainability of foods supply. *Molecules*, 25(11), 2655. <https://doi.org/10.3390/molecules25112655>
- NASROLLAHZADEH, A., MOKHTARI, S., KHOMEIRI, M., & SARIS, P. E. J. (2022). Antifungal preservation of food by lactic acid bacteria. *Foods*, 11(3), 395. <https://doi.org/10.3390/foods11030395>
- NEMZETI ÉLELMISZERLÁNC-BIZTONSÁGI HIVATAL (NÉBIH) (2022): Tájékoztató kistermelőknél: Hogyan csökkenthető a mikotoxin szennyezés kockázata a tej- és tejtermékekben? <https://portal.nebih.gov.hu/-/hogyan-csokkentetho-a-mikotoxin-szennyez-es-kockazata-a-tej-es-tejtermekekben>
- NIDERKORN, V., BOUDRA, H., & MORGAVI, D. P. (2006). Binding of *Fusarium* mycotoxins by fermentative bacteria in vitro. *Journal of Applied Microbiology*, 101(4), 849–856. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2006.02958.x>
- NIDERKORN, V., MORGAVI, D. P., ABOAB, B., LEMAIRE, M., & BOUDRA, H. (2009). Cell wall component and mycotoxin moieties involved in the binding of fumonisin B1 and B2 by lactic acid bacteria. *Journal of Applied Microbiology*, 106(3), 977–985. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2008.04065.x>

- NIDERKORN, V., MORGAVI, D. P., PUJOS, E., TISSANDIER, A., & BOUDRA, H. (2007). Screening of fermentative bacteria for their ability to bind and biotransform deoxynivalenol, zearalenone and fumonisins in an in vitro simulated corn silage model. *Food Additives and Contaminants*, 24(4), 406–415. <https://doi.org/10.1080/02652030601101110>
- NOBRE, C., GONZÁLEZ, A., LOSOYA, C., TEIXEIRA, J. A., BELMARES, R., & ABRUNHOSA, L. (2022). Detoxification of ochratoxin A and zearalenone by *Pleurotus ostreatus* during in vitro gastrointestinal digestion. *Food Chemistry*, 384, 132525. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.132525>
- OH, P. L., BENSON, A. K., PETERSON, D. A., PATIL, P. B., MORIYAMA, E. N., ROOS, S., & WALTER, J. (2010). Diversification of the gut symbiont *Lactobacillus reuteri* as a result of host-driven evolution. *The ISME Journal*, 4(3), 377–387. <https://doi.org/10.1038/ismej.2009.123>
- OHASHI, Y., & USHIDA, K. (2009). Health-beneficial effects of probiotics: Its mode of action. *Animal Science Journal*, 80(4), 361–371. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2009.00645.x>
- OLUWAFEMI, F., KUMAR, M., BANDYOPADHYAY, R., OGUNBANWO, T., & AYANWANDE, K. B. (2010). Bio-detoxification of aflatoxin B1 in artificially contaminated maize grains using lactic acid bacteria. *Toxin Reviews*, 29(3–4), 115–122. <https://doi.org/10.3109/15569543.2010.512556>
- PANDEY, A., SHARMA, M., BHATERIA, M., YAHAVI, C., KHAN, A. R., & SINGH, S. P. (2025). A review of bioanalytical methods, bioaccessibility, and toxicokinetics of emerging mycotoxins enniatins and beauvericin in the context of health risk assessment. *Toxicon*, 256, 108288. <https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2025.108288>
- PASTEUR, L. (1995). Mémoire sur la fermentation appelée lactique (Extrait par l’auteur). *Molecular Medicine*, 1(6), 599–601. <https://doi.org/10.1007/BF03401599>
- PEREIRA, W. A., FRANCO, S. M., REIS, I. L., MENDONÇA, C. M. N., PIAZENTIN, A. C. M., AZEVEDO, P. O. S., TSE, M. L. P., DE MARTINIS, E. C. P., GIERUS, M., & OLIVEIRA, R. P. S. (2022). Beneficial effects of probiotics on the pig production cycle: An overview of clinical impacts and performance. *Veterinary Microbiology*, 269, 109431. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2022.109431>
- PFEILER, E. A., & KLAENHAMMER, T. R. (2007). The genomics of lactic acid bacteria. *Trends in Microbiology*, 15(12), 546–553. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2007.09.010>
- PINTON, P., & OSWALD, I. (2014). Effect of deoxynivalenol and other type B trichothecenes on the intestine: A review. *Toxins*, 6(5), 1615–1643. <https://doi.org/10.3390/toxins6051615>
- PIZZOLITTO, R. P., SALVANO, M. A., & DALCERO, A. M. (2012). Analysis of fumonisin B 1 removal by microorganisms in co-occurrence with aflatoxin B 1 and the nature of the binding process. *International Journal of Food Microbiology*, 156(3), 214–221. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.03.024>
- PLACHETA, B., MOTYL, I., BERŁOWSKA, J., & MROCZYŃSKA-FLORCZAK, M. (2022). The use of fermented plant biomass in pigs’ feeding. *Sustainability*, 14(21), 14595. <https://doi.org/10.3390/su142114595>
- PUNIA BANGAR, S., SHARMA, N., BHARDWAJ, A., & PHIMOLSIRIPOL, Y. (2022). Lactic acid bacteria. *Quality Assurance and Safety of Crops & Foods*, 14(2), 13–31. <https://doi.org/10.15586/qas.v14i2.1014>
- RAIOLA, A., MECA, G., GARCÍA-LLATAS, G., & RITIENI, A. (2012). Study of thermal resistance and in vitro bioaccessibility of patulin from artificially contaminated apple products. *Food and Chemical Toxicology*, 50(9), 3068–3072. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2012.05.053>
- REBELLATO, A. P., DOS SANTOS CARAMÊS, E. T., PALLONE, J. A. L., & DE OLIVEIRA ROCHA, L. (2021). Mycotoxin bioaccessibility in baby food through in vitro digestion: an overview focusing on risk assessment. *Current Opinion in Food Science*, 41, 107–115. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2021.03.010>
- ROMERO-SÁNCHEZ, I., ALONSO-NÚÑEZ, I., GRACIA-LOR, E., & MADRID-ALBARRÁN, Y. (2024). Analysis and evaluation of in vitro bioaccessibility of aflatoxins B1, B2, G1 and G2 in plant-based milks. *Food Chemistry*, 460, 140538. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.140538>
- RUSZCZYŃSKI, M., RADZIKOWSKI, A., & SZAJEWSKA, H. (2008). Clinical trial: effectiveness of *Lactobacillus rhamnosus* (strains E/N, Oxy and Pen) in the prevention of antibiotic-associated diarrhoea in children. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics*, 28(1), 154–161. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2036.2008.03714.x>
- RYCHEN, G., AQUILINA, G., AZIMONTI, G., BAMPIDIS, V., BASTOS, M. DE L., BORIES, G., CHESSON, A., COCCONCELLI, P. S., FLACHOWSKY, G., GROPP, J., KOLAR, B., KOUBA, M., LÓPEZ-ALONSO, M., LÓPEZ PUENTE, S., MANTOVANI, A., MAYO, B., RAMOS, F., SAARELA, M., VILLA, R. E., WALLACE, R. J., WESTER, P., GLANDORF, B., HERMAN, L., KÄRENlampi, S., AGUILERA, J., ANGUITA, M., BROZZI, R., & GALOBART, J. (2018). Guidance on the characterisation of microorganisms used as feed additives or as production organisms. *EFSA Journal*, 16(3), e05206. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5206>
- RYCHLIK, M., HUMPF, H. U., MARKO, D., DÄNICKE, S., MALLY, A., BERTHILLER, F., KLAFFKE, H., & LORENZ, N. (2014). Proposal of a comprehensive definition of modified and other forms of mycotoxins including “masked” mycotoxins. *Mycotoxin Research*, 30(4), 197–205. <https://doi.org/10.1007/s12550-014-0203-5>

- SALADINO, F., POSARELLI, E., LUZ, C., LUCIANO, F. B., RODRIGUEZ-ESTRADA, M. T., MAÑES, J., & MECA, G. (2018). Influence of probiotic microorganisms on aflatoxins B1 and B2 bioaccessibility evaluated with a simulated gastrointestinal digestion. *Journal of Food Composition and Analysis*, 68, 128–132. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2017.01.010>
- SALMINEN, S. (1998). Demonstration of safety of probiotics — a review. *International Journal of Food Microbiology*, 44(1–2), 93–106. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(98\)00128-7](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(98)00128-7)
- SALVETTI, E., & O'TOOLE, P. W. (2017). The genomic basis of Lactobacilli as health-promoting organisms. *Microbiology Spectrum*, 5, 10.1128. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.BAD-0011-2016>
- SERRANO-NIÑO, J. C., CAVAZOS-GARDUÑO, A., HERNÁNDEZ-MENDOZA, A., APPLGATE, B., FERRUZZI, M. G., SAN MARTÍN-GONZÁLEZ, M. F., & GARCÍA, H. S. (2013). Assessment of probiotic strains' ability to reduce the bioaccessibility of aflatoxin M1 in artificially contaminated milk using an in vitro digestive model. *Food Control*, 31(1), 202–207. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2012.09.023>
- SERVIN, A. L. (2004). Antagonistic activities of lactobacilli and bifidobacteria against microbial pathogens. *FEMS Microbiology Reviews*, 28(4), 405–440. <https://doi.org/10.1016/j.femsre.2004.01.003>
- SHEHATA, M. G., BADR, A. N., EL SOHAIMY, S. A., ASKER, D., & AWAD, T. S. (2019). Characterization of antifungal metabolites produced by novel lactic acid bacterium and their potential application as food biopreservatives. *Annals of Agricultural Sciences*, 64(1), 71–78. <https://doi.org/10.1016/j.aaoas.2019.05.002>
- SHETTY, P. H., & JESPERSEN, L. (2006). *Saccharomyces cerevisiae* and lactic acid bacteria as potential mycotoxin decontaminating agents. *Trends in Food Science & Technology*, 17(2), 48–55. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2005.10.004>
- SINGH, A., MAZUMDER, A., DAS, S., KANDA, A., TYAGI, P. K., & CHAITANYA, M. (2025). Harnessing the power of probiotics: boosting immunity and safeguarding against various diseases and infections. *Recent Advances in Anti-Infective Drug Discovery*, 20(1), 5–29. <https://doi.org/10.2174/0127724344308638240530065552>
- SOEMARIE, Y. B., MILANDA, T., & BARLIANA, M. I. (2021). Fermented foods as probiotics. *Journal of Advanced Pharmaceutical Technology & Research*, 12(4), 335–339. https://doi.org/10.4103/japtr.japtr_116_21
- SUN, X., & JIA, Z. (2018). Microbiome modulates intestinal homeostasis against inflammatory diseases. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 205, 97–105. <https://doi.org/10.1016/j.vetimm.2018.10.014>
- TARDIOLO, G., LA FAUCI, D., RIGGIO, V., DAGHIO, M., DI SALVO, E., ZUMBO, A., & SUTERA, A. M. (2025). Gut microbiota of ruminants and monogastric livestock: an overview. *Animals*, 15(5), 758. <https://doi.org/10.3390/ani15050758>
- TOPCU, A., BULAT, T., WISHAH, R., & BOYACI, I. H. (2010). Detoxification of aflatoxin B1 and patulin by *Enterococcus faecium* strains. *International Journal of Food Microbiology*, 139(3), 202–205. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2010.03.006>
- VALERIANO, V. D. V., BALOLONG, M. P., & KANG, D.-K. (2017). Probiotic roles of *Lactobacillus* sp. in swine: insights from gut microbiota. *Journal of Applied Microbiology*, 122(3), 554–567. <https://doi.org/10.1111/jam.13364>
- VERSANTVOORT, C. H. M., OOMEN, A. G., VAN DE KAMP, E., ROMPELBERG, C. J. M., & SIPS, A. J. A. M. (2005). Applicability of an in vitro digestion model in assessing the bioaccessibility of mycotoxins from food. *Food and Chemical Toxicology*, 43(1), 31–40. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2004.08.007>
- VINDEROLA, G., COTTER, P. D., FREITAS, M., GUEIMONDE, M., HOLSCHER, H. D., RUAS-MADIEDO, P., SALMINEN, S., SWANSON, K. S., SANDERS, M. E., & CIFELLI, C. J. (2023). Fermented foods: a perspective on their role in delivering probiotics. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1196239. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1196239>
- WALTER, J. (2008). Ecological role of Lactobacilli in the gastrointestinal tract: implications for fundamental and biomedical research. *Applied and Environmental Microbiology*, 74(16), 4985–4996. <https://doi.org/10.1128/AEM.00753-08>
- WANG, Y., LIU, K., LU, M., SHI, J., XU, Y. J., & LIU, Y. (2023). Comparative evaluation of static and dynamic simulated digestion models. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 103(12), 5893–5903. <https://doi.org/10.1002/jsfa.12692>
- XU, J., WANG, H., XU, R., LI, Q., LI, L., SU, Y., LIU, J., & ZHU, W. (2024). Daily fluctuation of *Lactobacillus* species and their antibiotic resistome in the colon of growing pigs. *Science of the Total Environment*, 918, 170821. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.170821>
- YANG, F., HOU, C., ZENG, X., & QIAO, S. (2015). The use of lactic acid bacteria as a probiotic in swine diets. *Pathogens*, 4(1), 34–45. <https://doi.org/10.3390/pathogens4010034>
- ZHAO, H., WANG, X., ZHANG, J., ZHANG, J., & ZHANG, B. (2016). The mechanism of *Lactobacillus* strains for their ability to remove fumonisins B1 and B2. *Food and Chemical Toxicology*, 97, 40–46. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2016.08.028>

Characterisation and utilisation of probiotic lactic acid bacteria in the protection against mycotoxins

Ferenc Olasz *, Balázs Libisch ¹, Tibor Keresztény ^{1,2},
Viktória Varga-Szatmári ^{3,4,5}, Éva Varga-Visi ⁴

¹ Agribiotechnology and Precision Breeding for Food Security National Laboratory, Institute of Genetics and Biotechnology, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

² Doctoral School of Biological Sciences, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

³ Agribiotechnology and Precision Breeding for Food Security National Laboratory, Institute of Physiology and Nutrition, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary

⁴ Department of Physiology and Animal Health, Institute of Physiology and Nutrition, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary

⁵ HUN-REN-MATE Mycotoxins in the Food Chain Research Group, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary

Summary

It is no coincidence that lactic acid bacteria (LAB) with probiotic properties are in the spotlight, as their use extends to the prevention and treatment of many diseases and to the maintenance and restoration of the body's overall homeostasis. This use is based on the many beneficial properties of probiotic lactic acid bacteria: stimulation of the immune system; synthesis of antibacterial compounds; binding/breakdown of toxic substances; effects on growth and weight gain; antioxidant effects; digestion of nutrients; and production of nutritionally important components. Since not all LAB strains possess all of the beneficial properties listed above, intensive work is currently underway to isolate and characterise LAB strains with the most beneficial properties, both under laboratory conditions (pH and bile acid tolerance, in vitro digestion model experiments, antibacterial effect testing, genomic analysis) and in animal testing, with the ultimate goal of human use. Special attention is paid to eliminating toxic substances. Mycotoxin contamination in food and feed causes numerous diseases in humans and animals, as mycotoxins are not only toxic but also potentially carcinogenic, and in some cases even have a known effect on reproduction. Certain LAB strains can also play a key role in the binding and degradation of multiple mycotoxins.

Keywords: lactic acid bacteria, *Lactobacillus*, probiotic, mycotoxin, LAB strain