

Élesztőgombák jelentősége az élelmiszeriparban, régi és új fajok

MTA Doktori értekezés tézisei

Péter Gábor

Szent István Egyetem, Élelmiszertudományi Kar
Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteménye
Budapest
2020

Bevezetés és célkitűzés

Az élesztőgombákat az emberiség – eleinte természetesen tudtán kívül - mintegy 5000 éve használja kenyér, sör, bor és egyéb élelmiszerek és italok előállítására. Leeuwenhoek (XVII. század), Pasteur, Hansen (XIX. Század), Guilliermond, Kluyver (XX. század) és mások, részben egymásra épülő munkásságának köszönhetően nyilvánvalóvá vált, hogy az élesztőgombák alapvető szerepet töltenek be az élelmiszerek és italok előállításában [1, 2]. Ínséges időkben, pl. a II. világháború alatt az élesztőgomba közvetlen humán táplálkozásban való alkalmazására is történtek próbálkozások [3]. Bár a sörélesztőt elsősorban takarmányozási célra használják fehérje, B vitamin és ásványi anyag tartalma miatt, az emberi táplálkozásban történő felhasználási lehetőséget is magában hordozza. Ezt a lehetőséget napjainkban egyre nagyobb mértékben használja ki az élelmiszeripar a szeparált sörélesztő funkcionális élelmiszer adalékanyagként történő felhasználása révén [3, 4, 5]. Az élesztőgombákat felhasználják erjesztett élelmiszerek és italok, valamint élelmiszer-összetevők és adalékok előállítására, szerepük lehet az élelmiszerek romlását okozó mikroorganizmusok elleni biológiai védekezésben, probiotikus és bioterápiás hatást fejthetnek ki. Kedvező hatásuk mellett azonban előidézhetik az élelmiszerek és italok romlását, élelmiszer allergének forrásai lehetnek, sőt az élelmiszerek élesztőgomba biótája opportunistá patogén élesztőgombák forrása is lehet [2].

A mai élelmiszeripari eljárásokhoz alkalmazott, tudatosan javított tulajdonságokra szelektált élesztőgombákat a kor követelményeinek megfelelő módszerekkel kell jellemezni és azonosítani. Az új, elsősorban DNS alapú, technikák az élesztőgomba törzsek minden korábbinál pontosabb és gyorsabb rendszertani azonosítását teszik lehetővé. A korszerű, molekuláris biológiai módszerek alkalmazását gyakran élelmiszerbiztonsági szempontok is indokolják és a földrajzi eredetvizsgálat során is megkövetelik. A genom szekvenciák elemzése kiváló

lehetőséget biztosít az egyes élesztőgomba törzsek eredet igazolására, szélesebb körű elterjedéséig azonban elsősorban különböző törzs specifikus vagy részben törzs specifikus DNS ujjlenyomat technikákat alkalmaznak erre a célra [6, 7]. A törzsgyűjteményekből származó ellenőrzött genetikai erőforrások, köztük élesztőgombák, felhasználhatók közvetlenül az élelmiszerek előállításához vagy törzsnemesítés és törzsszelekció alapanyagát képezhetik.

A Biológiai Sokféleség Egyezmény (Riói Egyezmény) értelmében minden Szerződő fél „megteremti és fenntartja a növények, állatok és mikroorganizmusok *ex-situ* megőrzésének, valamint kutatásának feltételeit, elsősorban a genetikai források származási országaiban” [8]. Ezzel összhangban a mikrobiális génállomány *ex-situ* megőrzését, melyben kiemelkedő szerepet töltenek be a nemzeti törzsgyűjtemények, a világ számos országa, köztük hazánk, is támogatja. A törzsgyűjtemények a mikrobiális génállomány megőrzése mellett sokszor jelentős szerepet töltenek be a mikroorganizmusok biológiai sokféleségének (biodiverzitásának) feltárásában és a rendszertani kutatásokban is. A Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteményének (MIMNG) kutatói az utóbbi bő két évtizedben jelentős mértékben hozzájárultak a természetes és mesterséges, ember alkotta élőhelyek, ide értve az élelmiszerek, élesztőgomba biodiverzitásának feltárásához.

A DNS bázissorrend alapú rendszertani azonosítás gyors térnyerésének és az ezredfordulóra létrejött és azóta folyamatosan aktualizált vonalkód DNS szekvencia (elsősorban a rRNS nagy alegységét kódoló gén D1/D2 régiója és az ITS régió) adatbázisnak (GenBank, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>) köszönhetően a korábban alkalmazott fenotípus-alapú rendszertani azonosításnál sokkal gyorsabb, pontosabb és hatékonyabb élesztőgomba azonosítási módszer vált elérhetővé. A DNS bázissorrend alapú azonosítási módszereknek köszönhetően kriptikus fajcsoportok létre derült fény, és számos élőhely, köztük az élelmiszerek élesztőgomba biodiverzitásának a korábbinál részletesebb feltárása vált lehetővé.

A DNS bázissorrendek összehasonlítására alapozott azonosítási módszerek adta lehetőséget kihasználva, célul tűztük ki az élesztőgombák biodiverzitásának

minél részletesebb feltárását természetes és ember alkotta mesterséges élőhelyeken, köztük élelmiszerekben, valamint az esetlegesen izolálásra kerülő új fajok rendszertani helyének meghatározását, fenotípusos jellemzését és leírását. A törzsgyűjtemények klasszikus szerepét is figyelembe véve, a manapság méltán népszerű DNS kivonáson alapuló környezetmikrobiológiai eljárások helyett, a klasszikus, tenyésztésre alapozott eljárásokat alkalmaztuk. Erre azért is szükség volt, mert a munkánk során felhalmozódott élesztőgomba törzsek kiválasztott képviselőit a Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteményének nyilvános részében kívántuk elhelyezni, ezzel biztosítva, hogy további kutatások céljára hozzáférhetőek legyenek.

Az élelmiszerek mikrobiológiai vizsgálata hosszú múltra tekint vissza, és más mikroba csoportokhoz hasonlóan, nagy mennyiségű adat halmozódott fel az egyes élelmiszereket benépesítő élesztőgombákról is. A nukleinsav bázissorrend alapú rendszertani azonosítás alkalmazása előtt keletkezett adatok azonban magukban hordozzák a téves azonosítás lehetőségét, pl. a kriptikus fajok esetében, ezért azokat ennek tudatában kell értékelni. A megfelelő körütekintéssel kivitelezett DNS szekvencia alapú rendszertani azonosítást alkalmazó tanulmányok ezt a hibaforrást kiküszöbölik, a korábbinál pontosabb, árnyaltabb képet nyújtanak az egyes élelmiszerek élesztőgomba közösségeinek faji összetételéről. Célul tűztük ki néhány élelmiszerekből rendszeresen izolált nagy jelentőségű élesztőgomba csoport, pl. a *Yarrowia* nemzetség képviselőinek izolálását és az izolált törzsek DNS szekvencia alapú rendszertani azonosítását, valamint az élelmiszerek minőségére gyakorolt hatásukban kulcsszerepet játszó néhány tulajdonság vizsgálatát.

Az általánosan alkalmazott tenyésztéses eljárások során a domináns fajoktól több nagyságrenddel elmaradó számbeli kisebbségben lévő fajok képviselői sokszor rejtve maradnak. Igyekeztünk ezért néhány kisebb számarányban jelen lévő komponenst, pl. a *Yarrowia* nemzetség fajait tejből, tejtermékekből és húsoból, valamint a *Saccharomyces* fajokat szőlőről, és a metanol-asszimiláló élesztőgombákat különböző élőhelyekről kimutatni és izolálni. Ehhez, részben általunk kidolgozott,

dúsításos eljárásokat alkalmaztunk, hogy a korábban rejtve maradt kis számarányban jelenlévő élesztőgomba fajok is detektálásra és izolálásra kerüljenek.

Akadnak olyan élelmiszerek is, mint pl. az évezredek óta fogyasztott olívaolaj, amelyekről meglepő módon csak nemrégiben derült ki, hogy élesztőgombák élőhelyei. Ennek tudatában igyekeztünk az olívaolaj élesztőgomba biodiverzitásának feltárásában részt vállalni. Az olívaolaj hidrofób tulajdonságából adódóan a szokványos tenyésztési mikrobiológiai módszerek alkalmazása körülményes és nem kellően hatékony, ezért célul tűztük ki az élesztőgombáknak az olívaolajból történő izolálására alkalmas hatékony módszer kidolgozását.

Mivel az élesztőgombák ökológiai szerepének megértését, valamint esetleges élelmiszeripari alkalmazási lehetőségeinek feltárását nagymértékben elősegíti fiziológiai jellemzőik ismerete, az általunk izolált törzsek zömének fenotípusos jellemzését is elvégeztük, annak ellenére, hogy rendszertani azonosításukhoz a fenotípusos bélyegekre egyre kisebb mértékben támaszkodhattunk. Az élelmiszerekből izolált új, a tudomány számára korábban ismeretlen fajok esetében, célul tűztük ki az adott élelmiszerben betöltött lehetséges szerepük előrejelzését is, amennyiben fenotípusos tulajdonságaik az izolálási forrásul szolgáló élelmiszer tulajdonságaival összevetve erre lehetőséget adtak.

Vizsgálati módszerek

A steril mintavételezést követően a minták feldolgozása a mikrobiológiában általánosan alkalmazott tenyésztési eljárásokkal történt. A minta sejtkoncentrációjától függően általában felületi szélesztési vagy membránszűrési módszert alkalmaztunk az élesztőgombák kitenyésztéséhez. Az alkalmazott tápközeget a minta tulajdonságainak figyelembevételével választottuk ki. Leggyakrabban Rose-Bengal-Chloramphenicol (RBC) agart használtunk az élesztőgombák kitenyésztéséhez. Kis vízáktívítású minták (például méz, méhkenyér) feldolgozásakor az RBC agar mellett 30%-os glükóz agart [glükóz 30% (m/m),

élesztőkivonat 0,5%, agar 2%] és/vagy 50%-os glükóz agart [glükóz 50% (m/m), élesztőkivonat 0,5%, agar 2%] is alkalmaztunk az élesztőgombák kitenyésztésére.

Az általánosan használt minta feldolgozási eljárások mellett, vagy olykor azok helyett, kiterjedten alkalmaztunk különféle szelektív dúsítási eljárásokat egyes élesztőgomba csoportok izolálása céljából, ugyanis a megfelelően megválasztott dúsítási eljárást követően az élesztőgomba célcsoport képviselői gyakran olyan mintákból is sikerrel izolálhatók, amelyekből dúsítás nélkül erre kevés esély nyílik. A *Saccharomyces* törzsek szőlőről való izolálást 10% (v/v) metanollal kiegészített táplevesben végrehajtott dúsítást követően végeztük. A *Yarrowia* nemzetségekbe tartozó törzsek izolálási gyakoriságának fokozására egyedüli szénforrásként hexadekánt tartalmazó táplevest használtunk dúsító közegként. A metanol-asszimilációra képes élesztőgombákat 0,5% (v/v) metanol tartalmú táplevesben történt kétlépes dúsítást követően izoláltuk.

Az élesztőgombák fenotípusos jellemzése elsősorban az élesztőgomba monográfiák aktuális kiadásaiban leírt módszerek segítségével történt [9, 10]. Az obligát ozmofil élesztőgombák esetében standard fenotípusos tesztek egy részének módosítására volt szükség, mivel számos standard tápközegben nem szaporodtak.

Az élesztőgomba törzsek rendszertani azonosítása a riboszómális RNS nagy alegységét kódoló gén, D1/D2 régiójának a bázissorrendjét használtuk. Szükség szerint más DNS szakaszok, elsősorban az ITS régió, bázissorrendjét is felhasználtuk a rendszertani azonosítás eredményének a megerősítésére. A vizsgált DNS szakaszok felszaporítása a Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok nemzeti Gyűjteményénél történt a Kurtzman és Robnett [11], valamint a Dlačný és mtsai [12] által leírt módszerek alkalmazásával. Az amplikonok bázissorrendjének meghatározására pedig különböző kereskedelmi laboratóriumokban került sor.

A D1/D2 vagy az összefűzött ITS és D1/D2 bázissorrendek elemzése a DNS nukleotid szekvenciák összerendezése után a MEGA 6 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0.) programmal [13] történt a maximális valószínűség (Maximum Likelihood) vagy a neighbor-joining módszert alkalmazva. Az egyes

összerendezett DNS bázissorrend adathalmazok elemzéséhez alkalmazott matematikai modellt a MEGA 6 programba ágyazott „Modeltest” eredménye alapján választottuk ki.

Új tudományos eredmények

- 1. Hatékony, a korábbiaktól eltérő elvi alapon nyugvó, módszert dolgoztunk ki *Saccharomyces* törzsek izolálására szőlőbogyóról [GP1].** Míg a korábban leírt eljárások szerint a szőlő laboratóriumi körülmények között végzett préselést és az így nyert must spontán erjesztését vagy nagy etanol tartalmú tápközegben történő dúsítását követően izolálják a *Saccharomyces* törzseket, az általunk kidolgozott módszer lényege, hogy 10% (v/v) metanollal kiegészített táplevest alkalmazunk a szőlő dúsítására. A módszer elméleti alapjául az a megfigyelés szolgál, hogy a *Saccharomyces* törzsek az etanolhoz hasonlóan a metanolt is nagyobb koncentrációban tolerálják, mint a szőlőn fellelhető egyéb élesztőgombák többsége. Mivel az ismert *Saccharomyces* fajok, szemben az etanollal, nem képesek a metanolt hasznosítani, nincs elvi lehetőség a metanol koncentráció csökkenésére a dúsító tápközegben a dúsítás során. Az általunk kidolgozott módszer az irodalmi adatokkal való összevetés alapján hatékonyabb a must laboratóriumi körülmények között végrehajtott spontán erjesztésére alapozott módszerekénél.
- 2. Új, az élesztőgomba sejteknek vizes fázisba juttatásán alapuló, módszert dolgoztunk ki, és alkalmaztunk eredményesen élesztőgombák olívaolajból történő izolálására, amely az olaj mikrobiológiai minőségének ellenőrzésre is alkalmas lehet [GP2].** Mivel az olívaolaj minták feldolgozása nehézkes, különösen akkor, ha a kis élesztőgomba szám miatt a minta szűrése válik szükségessé, az olívaolaj azonos mennyiségű steril desztillált vízzel történő kiegészítése és alapos összerázása után centrifugálás segítségével a vizes fázisba juttattuk az élesztőgomba sejteket. A felülúszó eltávolítása és az üledék vizes fázisban történő szuszpendálása után az élesztőgomba sejtek koncentrációjának

függvényében hígítást és felületi szélesztést vagy membránszűrést követően tenyésztettük ki az élesztőgombákat az olívaolaj mintákból.

3. Elsőként alkalmaztunk sikeresen egyedüli szénforrásként hexadekánt tartalmazó, kis (3,5 – 3,6) pH-jú tápközegben történő többlépcsős dúsítást a *Yarrowia* nemzetségbe tartozó élesztőgomba törzsek izolálására [GP3, GP4]. Mivel az eddig leírt *Yarrowia* fajok kivétel nélkül asszimilálják a hexadekánt, azon ismert élesztőgombáknak viszont, amelyeknél a hexadekán asszimilációra vonatkozó adat rendelkezésre áll, csak körülbelül 10%-a rendelkezik ezzel a tulajdonsággal, a *Yarrowia* törzsek izolálásának esélye jelentősen megnő egyedüli szénforrásként hexadekánt tartalmazó tápközegben történő dúsítást követően.
4. A levelekről származó metilotróf élesztőgombák metanol-tartalmú tápközegben való dúsítása során megfigyeltük, hogy különböző protiszták, elsősorban csillósok, bekebelezik az élesztőgombákat, ezáltal a nagymértékben csökkentik a dúsító tápleves turbiditását. A protiszták aktivitását a dúsító tápközeg 200 mg/L chloramphenicolal való kiegészítése segítségével sikeresen szorítottuk vissza a dúsító táplevesben [GP5], aminek eredményeként levelek esetében 33%-ról 50% fölé emelkedett a sikeres (metanol-asszimiláló élesztőgombát eredményező) dúsítások részaránya.
5. Aszkospóra képzés vizsgálatára korábban nem használt tápközegek alkalmazásával néhány esetben (*Yarrowia porcina*/YES agar, *Ogataea pignaliae*/módosított nitrát agar) aszkospóra képzést indukáltunk olyan fajok esetében is, amelyek más táptalajokon nem képeztek aszkospórát [GP6, GP7].
6. A The Yeasts: A Taxonomic Study aktuális (5.) kiadásában leírt módszereket sikeresen módosítottuk az obligát ozmofil élesztőgombák fenotípusos

tulajdonságainak vizsgálatára [GP8]. Azoknál a teszteknel, ahol ez lehetséges volt, az alkalmazott cukrok koncentrációját emeltük meg, a szénforrás asszimilációt pedig 50% (m/m) polietilén-glikol 200 (PEG 200) tartalmú tápközegben teszteltük.

7. **Kilenc, a tudomány számára ismeretlen élesztőgombafaj jelenlétét mutattuk ki olívaolajban és olívaolaj üledékben, amelyek közül hatot már új fajként írtunk le.** Ezek a következők: *Candida molendinolei*, *C. adriatica* [GP9], *Ogataea histrianica*, *O. kolombanensis* [GP10], *Kuraishia mediterranea* [GP11], *Brettanomyces acidodurans* [GP2]. **Fenotípusos tulajdonságaik alapján, előrejelzést adtunk az egyes fajoknak az olívaolaj minőségére gyakorolt lehetséges hatásáról.**
8. Elsőként izoláltuk az olajfák korai elhalásában szerepet játszó *Pseudopheomoniella oleae* törzseit a típustörzs eredetétől (hervadó olajfa ág feketére színeződött farésze, Olaszország) eltérő szubsztrátumról és földrajzi helyről, Spanyolországból származó olívaolajból [GP2] és Szlovéniából származó olívaolaj üledékből.
9. **Zömében melegvérű állatokból készült élelmiszerekből izolált törzsek alapján négy új, a *Yarrowia*-kládba tartozó élesztőgomba fajt (*C. galli*, *Y. divulgata*, *Y. porcina*, *Y. bubula*) írtunk le [GP3, GP6, GP12], köztük az első, és eddig egyetlen olyan *Yarrowia* fajt (*Y. porcina*), amelynek askospórái tokanyagba ágyazódnak. Kimutattuk, hogy az általunk leírt négy új élesztőgomba faj, a *Y. lipolytica*-hoz hasonlóan, erős lipolitikus és proteolitikus aktivitással rendelkezik, és tirozin tartalmú tápközegben barna pigmentet termel, ezért az élelmiszerek minőségére várhatóan legalább részben hasonló hatást gyakorol, mint a *Y. lipolytica*.**

10. Egyedüli szénforrásként metanolt tartalmazó tápközegben való kétlépcsős dúsítást követően nagy hatékonysággal izoláltunk metanol-asszimiláló élesztőgombákat különböző természetes szubsztrátumokból és élelmiszerekből. Az izolátumok között számos korábban ismeretlen faj is szerepelt, amelyek közül 20-at már új fajként írtunk le [GP5, GP7, GP10, GP11, GP13 - GP21].
11. Az egyedüli szénforrásként metanolt tartalmazó tápközegben való kétlépcsős dúsításos eljárás alkalmazásának eredményeként, elsőként izoláltunk fillozférából Ascomycota törzsbe tartozó metanol-asszimiláló élesztőgombákat [GP5].
12. Leírtuk a *Komagataella*-klád második faját, a kiemelkedő biotechnológiai jelentőségű *Komagataella pastoris*-szal közeli rokonságban álló *Pichia* (*Komagataella*) *pseudopastoris*-t. Megfigyeltük, hogy a csersavra érzékeny *Komagataella pseudopastoris*, ellentétben a *K. pastoris*-szal, nem fordul elő a nagy csersavtartalmú tölgyfák (*Quercus* spp.) exudátumában, korhadékában és levelén [GP13].
13. További specifikus összefüggéseket tártunk fel a fa-exudátumokban előforduló metanol-asszimiláló élesztőgombák és a gazdanövények között; az *Ogataea populialbae*-t kizárólag fehér nyár (*Populus alba*) exudátumból izoláltuk, ahol ez a faj volt a leggyakoribb metilotróf élesztőgomba, ugyanakkor a *K. pastoris* egyetlen törzsét sem sikerült fehér nyár exudátumból izolálnunk [GP20].
14. Öt új, a *Kuraishia*-kládba tartozó élesztőgomba fajt (*K. hungarica*, *K. molischiana*, *K. floccosa*, *K. ogatae*, *K. mediterranea*) írtunk le, részben külföldi

társszerzőkkel, a korábbi nevezéktani szabályoknak megfelelően egy részüket *Candida*-ként [GP11, GP14- GP16, GP19].

15. Tizennégy új, az *Ogataea*-kládba tartozó fajt (*C. suzukii*, *O. trehaloabstinens*, *O. pilisensis*, *O. dorogensis*, *O. zsoldii*, *O. thermophila*, *O. allantospora*, *O. nitratoaversa*, *O. populialbae*, *O. pignaliae*, *O. saltuana*, *O. kolombanensis*, *O. histrianica*, *O. deakii*) **írtunk le**, részben külföldi társszerzőkkel, egy részüket a leírás időpontjában általánosan elfogadott nemzetségekhez igazodva, *Pichia*-ként, egy fajt pedig *Candida*-ként [GP5, GP7, GP10, GP14, GP17, GP18, GP20, GP21].
16. Az *Ogataea allantospora* leírásakor ismert valamennyi *Ogataea* faj kalap (vagy félgömb) alakú askospórát képez, amit a nemzetség akkor érvényes diagnózisa is tükrözött. Ezért **javasoltuk az *Ogataea* nemzetség diagnózisának módosítását, hogy a filogenetikai elemzések alapján a nemzetséghez tartozó, allantoid (enyhén hajlott, lekerekített végű) askospórát képző *O. allantospora*-t is a nemzetségbe sorolhassuk [GP5].**
17. Annak ellenére, hogy az *Ogataea* nemzetség számos nitrát-asszimilációra képtelen élesztőgombát tartalmaz, korábbi diagnózisa szerint a „Kálium-nitrátot asszimilálja.” Ezért **javasoltuk az *Ogataea* nemzetség diagnózisának módosítását, hogy a filogenetikai elemzések alapján a nemzetséghez tartozó *O. nitratoaversa*-t is a nemzetségbe sorolhassuk, valamint feloldjuk az ellentmondást a nemzetség diagnózisa és egyes, a nemzetségbe sorolt fajok nitrát-asszimiláló képességének hiánya között [GP18].**
18. Egyes virágmézből és méhkenyérből izolált törzsek alapján, *Zygosaccharomyces favi* néven, leírtuk a második [GP8]; aszalt füge

készítményből és magányosan élő méhek által készített méhkenyérből izolált törzsek alapján, *Schizosaccharomyces osmophilus* néven, a harmadik ismert obligát ozmofil élesztőgomba fajt [GP22].

19. Egy új *Metschnikowia* fajt (*M. viticola*) írtunk le szőlő bogyóról és dokumentáltuk spórájának kiszabadulását az aszkuszból [GP23].
20. Rothadó, erjedő rambutánról, *Pichia sporocuriosa* néven, leírtuk az első és eddig egyetlen élesztőgomba fajt, amely gömb alakú, érdes aszkospórát képez, amelynek felszínén néhol elágazó az aszkospórát többszörösen körbefutó, de gyűrűvé nem záródó lebeny található [GP24]. A *P. membranifaciens*-hez való nagymértékű fenotípusos hasonlósága miatt, a *P. sporocuriosa* gyümölcsökön betöltött szerepe hasonló lehet a *P. membranifaciens*-éhez.
21. A nemrégiben felállított *Cutaneotrichosporon* nemzetség egy új fajtát, *Cut. suis*, írtuk le egy darált sertéshúsból és egy franciaországi tejüzem levegőjéből származó törzs alapján. A *Cut. suis* mindkét ismert törzse lipolitikus aktivitással rendelkezik, ami hatással lehet az előfordulási forrásuként szolgáló élelmiszerek minőségére [GP25].

Az értekezés alapját képező közlemények

- GP1** Péter G, Dlačhy D, Szücs E, Tornai-Lehoczki J (2011) Enrichment in methanol-containing broth – a simple method for the isolation of *Saccharomyces* from grapes. Acta Aliment. Hung. 40: 376–384

- GP2** Péter G, Dlauchy D, Tóbiás A, Fülöp L, Podgoršek M, Čadež N (2017) *Brettanomyces acidodurans* sp. nov., a new acetic acid producing yeast species from olive oil. A. van Leeuw. J. Microb. 110: 657–664
- GP3** Nagy E, Niss M, Dlauchy D, Arneborg N, Nielsen DS, Péter G (2013) *Yarrowia divulgata* f.a., sp. nov., a yeast species from animal related and marine sources. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 63: 4818–4823
- GP4** Péter G, Nagy ES, Dlauchy D (2019) Systematics, Diversity and Ecology of the Genus *Yarrowia* and the Methanol-Assimilating Yeasts. In: Sibirny A. (szerk.) Non-conventional Yeasts: from Basic Research to Application. Springer, Cham. pp: 297–339. https://doi.org/10.1007/978-3-030-21110-3_9
- GP5** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Dlauchy D (2007) *Ogataea allantospora* sp. nov., an ascomycetous yeast species from phylloplane. A. van Leeuw. J. Microb. 92: 443–448
- GP6** Nagy E, Dlauchy D, Medeiros AO, Péter G, Rosa CA (2014) *Yarrowia porcina* sp. nov. and *Yarrowia bubula* f.a. sp. nov., two yeast species from meat and river sediment. A. van Leeuw. J. Microb. 105: 697–707
- GP7** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Dlauchy D (2010) *Ogataea pignaliae* sp. nov., the teleomorph of *Candida pignaliae*. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 60: 2496–2500
- GP8** Čadež N, Fülöp L, Dlauchy D, Péter G (2015) *Zygosaccharomyces favi* sp. nov., an obligate osmophilic yeast species from bee bread and honey. A. van Leeuw. J. Microb. 107: 645–654
- GP9** Čadež N, Raspor P, Turchetti B, Cardinali G, Ciafardini G, Veneziani G, Péter G (2012) *Candida adriatica* sp. nov. and *Candida molendinolei* sp. nov., two yeast species isolated from olive oil and its by-products. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 62: 2296–302
- GP10** Čadež N, Dlauchy D, Raspor P, Péter G (2013) *Ogataea kolombanensis* sp. nov., *Ogataea histrianica* sp. nov. and *Ogataea deakii* sp. nov., three novel yeast species from plant sources. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 63: 3115–3123

- GP11** Čadež N, Dlačhy D, Tóbiás A, Péter G (2017) *Kuraishia mediterranea* sp. nov., a methanol-assimilating yeast species from olive oil and its sediment. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 67: 4846–4850
- GP12** Péter G, Dlačhy D, Vasdinyei R, Tornai-Lehoczki J, Deák, T (2004) *Candida galli* sp. nov., a new yeast from poultry. A. van Leeuw. J. Microb. 86: 105–110
- GP13** Dlačhy D, Tornai-Lehoczki J, Fülöp L, Péter G (2003): *Pichia (Komagataella) pseudopastoris* sp. nov., a new yeast species from Hungary. A. van Leeuw. J. Microb. 83: 327–332
- GP14** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Fülöp L, Dlačhy D (2003) Six new methanol assimilating yeast species from wood material. A. van Leeuw. J. Microb. 84: 147–159
- GP15** Péter G, Dlačhy D, Tornai-Lehoczki J, Kurtzman CP (2005) *Kuraishia molischiana* sp. nov., the teleomorph of *Candida molischiana*. A. van Leeuw. J. Microb. 88: 241–247
- GP16** Péter G, Dlačhy D, Tornai-Lehoczki J (2006) *Candida floccosa* sp. nov., a novel methanol-assimilating yeast species. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 56: 2015–2018
- GP17** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Shin KS, Dlačhy D (2007) *Ogataea thermophila* sp. nov., the teleomorph of *Candida thermophila*. FEMS Yeast Res. 7: 494–496
- GP18** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Dlačhy D (2008) *Ogataea nitratoaversa* sp. nov., a methylotrophic yeast species from temperate forest habitats. A. van Leeuw. J. Microb. 94: 217–222
- GP19** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Dlačhy D (2009) *Candida ogatae* sp. nov., an anamorphic member of the *Kuraishia* clade. FEMS Yeast Res. 9: 328–333
- GP20** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Dlačhy D (2009) *Ogataea populialbae* sp. nov., a yeast species from white poplar. FEMS Yeast Res. 9: 936–941

- GP21** Péter G, Dlauchy D, Tornai-Lehoczki J, Gouliamova D, Kurtzman CP (2011) *Ogataea saltuana* sp. nov., a novel methanol-assimilating yeast species. A. van Leeuw. J. Microb. 100: 375-83
- GP22** Brysch-Herzberg M, Tóbiás A, Seidel M, Wittmann R, Wohlmann E, Fischer R, Dlauchy D, Péter G (2019) *Schizosaccharomyces osmophilus* sp. nov., an osmophilic fission yeast occurring in bee bread of different solitary bee species. FEMS Yeast Res. 19: doi: 10.1093/femsyr/foz038
- GP23** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Suzuki M, Dlauchy D (2005): *Metschnikowia viticola* sp. nov., a new yeast species from grape. A. van Leeuw. J. Microb. 87: 155-160
- GP24** Péter G, Tornai-Lehoczki J, Dlauchy D, Vitányi G (2000) *Pichia sporocuriosa* sp. nov., a new yeast isolated from rambutan. A. van Leeuw. J. Microb. 77: 37–42
- GP25** Péter G, Mounier J, Garnier L, Soós D, Dlauchy D (2019) *Cutaneotrichosporon suis* sp. nov., a lipolytic yeast species from food and food-related environment. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003485>

Irodalom

1. Rose AH, Harrison JS (1969) Introduction. In: Rose AH, Harrison JS (szerk.) The Yeasts, vol 1. Biology of Yeasts. Academic Press, London pp: 1-4
2. Fleet, GH (2006) The commercial and community significans of yeasts in food and beverage production. In: Querol A, Fleet GH (szerk.) Yeasts in Food and Beverages. Springer-Verlag, Berlin. pp: 1-12
3. Halász A, Lásztity R (1991) Use of Yeast Biomass in Food Production. CRC Press; Boca Raton, FL.

4. Rakowska R, Sadowska A, Dybkowska E, Świdorski F (2017) Spent yeasts as natural source of functional food additives. *Rocz. Panstw. Zakl. Hig.* 68:115-121
5. Hittinger CT, Steele JL, Ryder DS (2018) Diverse yeasts for diverse fermented beverages and foods. *Curr. Opin. Biotechnol.* 49: 199-206
6. Fernández-Espinar MT, López V, Ramón D, Bartra E, Querol A (2001) Study of the authenticity of commercial wine yeast strains by molecular techniques. *Int. J. Food Microbiol.* 70: 1–10
7. Guillamón JM, Barrio E (2017) Genetic polymorphism in wine yeasts: mechanisms and methods for its detection. *Front. Microbiol.* doi: 10.3389/fmicb.2017.00806
8. Biológiai Sokféleség Egyezmény (1992) Rio de Janeiro magyar nyelvű szövege. 1995. évi LXXXI. Törvény a Biológiai Sokféleség Egyezmény kihirdetéséről
9. Yarrow D (1998) Methods for the isolation, maintenance and identification of yeasts. In: Kurtzman CP, Fell JW (szerk.) *The Yeasts: A Taxonomic Study* 4th ed. Elsevier. Amsterdam. 77-100
10. Kurtzman CP, Fell JW, Boekhout T and Robert V (2011) Methods for isolation, phenotypic characterization and maintenance of yeasts. In: Kurtzman CP, Fell JW, Boekhout T. (szerk.) *The Yeasts: A Taxonomic Study*, 5th ed. Elsevier. Amsterdam. pp: 87-110
11. Kurtzman CP and Robnett CJ (1998) Identification and phylogeny of ascomycetous yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences. *A. van Leeuw. J. Microb.* 73: 331–371
12. Dlačhy D, Tornai-Lehoczki J, Fülöp L, Péter G (2003): *Pichia (Komagataella) pseudopastoris* sp. nov., a new yeast species from Hungary. *A. van Leeuw. J. Microb.* 83: 327-332
13. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, Kumar S (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30: 2725-2729