

## SZAKMAI VÉLEMÉNY

### MTA doktori értekezésről

**Az értekezés címe:** Élesztőgombák jelentősége az élelmiszeriparban, régi és új fajok  
**Az értekezést benyújtotta:** Péter Gábor

Az értekezés benyújtója az élesztő-taxonómia nemzetközileg elismert szaktekintélye, hazai viszonylatban a szakterület vezető kutatója. A Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteményének munkatársaként majd vezetőjeként kiterjedt rendszertani, taxonómiai, filogenetikai és biodiverzitási kutatásokat végzett élesztőgombákkal, elsősorban olyanokkal, amelyek élelmiszerekkel illetve élelmiszeripari folyamatokkal kapcsolatban fordulnak elő. Értekezésében bemutatja a területen elért eredményeit.

Az értekezés felépítése hagyományos szerkezetű: „Irodalmi áttekintés”, „A kutatás célkitűzése”, „Anyagok és módszerek”, „Eredmények és megvitatásuk” című fejezetekre tagolódik. A fejezetek jól épülnek egymásra, tartalmuk visszafogottan lényegretörő, a dolgozat logikai vonalvezetése könnyen követhető, a dolgozat nyelvezete érthető.

Az irodalmi áttekintés két blokkból áll. Az elsőben a szerző röviden áttekinti az élesztőgombák élelmiszeriparban betöltött előnyös és hátrányos szerepét. A másodikban megismerteti az olvasót az élesztőgombák rendszertanában érvényesülő elvekkel és a leggyakrabban használt módszerekkel. Külön alfejezetet szentel a nevezéktan nehézségeinek és a jelenleg érvényes (bár nem mindenki által szigorúan betartott) szabályoknak. Két csoportot (a *Yarrowia* nemzetséget és a metanol-asszimiláló élesztőket), amelyeknek a munkája során kiemelt figyelmet szentelt, részletesebben is bemutat.

Az „Anyagok és módszerek” fejezet három részre tagolódik. A „Mintagyűjtés és izolálás” című rész részletesen bemutatja, hogy milyen módon izolált élesztőket a szerző. Meg kell jegyezni, hogy itt olyan eljárások leírása is szerepel, amelyek a szerző saját módszertani fejlesztései, tehát eredménynek is tekinthetők. Ebből a szempontból nézve átfed az „Eredmények és megvitatásuk” fejezettel. A fenotípusos jellemzéssel, a DNS-szekvenciákra épülő rendszertani besorolással (azonosítással) valamint a filogenetikai elemzéssel foglalkozó részek a szakterületen elterjedten alkalmazott módszerek rövid leírását tartalmazzák.

Az „Eredmények és megvitatásuk” fejezet alapján a következő módon lehet csoportosítani a szerző kutatásainak legfontosabb eredményeit:

- Dúsítási módszer kidolgozása *Saccharomyces* törzsek izolálására szőlőről.
- Módszer kidolgozása élesztőgombák olivaolajból történő izolálására
- Módszer kidolgozása *Yarrowia* törzsek izolálására hexadekánt, mint szénforrást tartalmazó tápközeg segítségével
- Metilotróf élesztőgombák izolálását nehezítő protiszták visszaszorítására alkalmas módszer kidolgozása
- Aszkospóráképzés képességének bizonyítása korábban asporogénnek vélt egyes *Yarrowia* és *Ogataea* törzsek esetében
- Obligát ozmofil élesztők vizsgálatára alkalmas módszerek továbbfejlesztése
- Kilenc új faj leírása olivaolajból és olivaolaj-üledékből
- Olajfák elhalálásában szereplő törzsek kimutatása olivaolajban és olivaolaj-üledékben.
- Négy új *Yarrowia* faj leírása
- Húsz új metanol-asszimiláló élesztőfaj leírása

- Új *Komagataella* faj leírása
- Öt új *Kuraishia* faj leírása
- Tizennégy új *Ogataea* faj leírása
- Új *Schizosaccharomyces* faj leírása
- Új *Metschnikowia* faj leírása
- Új *Pichia* faj leírása
- Új *Cutaneotrichosporon* faj leírása
- Az új fajok szerepének vizsgálata élelmiszeripari és élelmiszerbiztonsági szempontból

Az értekezésben szereplő eredményekből 25 közlemény született a szakterület élvonalbeli nemzetközi folyóirataiban. Ismervén ezen folyóiratok szakmai igényességét, a kéziratok elfogadását ezen sorok írójánál szakmailag sokkal kompetensebb bírálók támogató véleménye kellett, hogy megelőzze. Ennek alapján egyértelműen kijelenthető, hogy az értekezésben bemutatott kutatási eredmények a nemzetközi szakmai követelményeknek mindenben megfelelnek. Az újként leírt fajok száma alapján a szerző az élesztőgombás taxonómusok mezőnyében a legaktívabbak közé tartozik. Kutatómunkájával jelentősen hozzájárult az értekezésben szereplő élesztőgombafajok élelmiszeripari vonatkozásainak jobb megismeréséhez is.

Mindössze négy kérdésem van:

1. Az INSDC-ben egymással összekapcsolt adatbázisok (melyekhez tartozik a szerző által használt GenBank is) egyike sem vizsgálja, hogy a behelyezett szekvenciák taxonómiai besorolása helytálló-e. A benyújtó által megadott fajnevet automatikusan elfogadják. A szekvenciák döntő többsége esetén szakirodalom sincs feltüntetve, amiben utána lehetne nézni, hogy mire alapul a besorolás. A szokásos gyakorlat az, hogy a behelyezésre kerülő szekvenciát olyan fajhoz sorolják, amely szekvenciájához leginkább hasonlít (ideális esetben azzal azonos). A megkívánt hasonlóság mértéke önkényes; akkora, amekkorát a benyújtó elegendőnek vél. Ahogy nő a behelyezett szekvenciák száma, úgy lesz egyre szélesebb egy faj szekvenciáinak tartománya, és egy idő után már átfed a rokon fajok egyikével vagy másikával is. Így könnyen előfordulhat, hogy egy új izolátumot két vagy akár több fajhoz is be lehet sorolni a GenBank adatbázis alapján. Milyen lehetőséget lát a szerző az ebből származó hibák kiküszöbölésére? Találkozott-e ilyen problémával (ezen sorok írója igen), és amennyiben találkozott, azt hogyan oldotta meg?
2. Az rRNS-eket kódoló kromoszómális szakaszok szekvenálása során időnként (egyes fajoknál/fajcsoportoknál gyakran) előfordulnak di- és polimorf pozíciók. A szekvenciákban ezek N, Y, M, R stb betűk formájában jelennek meg. A jelenség mögött az áll, hogy a kromoszómában az rDNS egységek sokszor ismétlődnek, és az egyes egységek szekvenciái eltérnek egymástól (rossz hatékonyságú vagy elmaradó homogenizálás következtében). Az ilyen pozíciók nehezítik vagy akár tévessé is tehetik a taxonómiai és filogenetikai elemzéseket. Találkozott-e a szerző ezzel a problémával és ha találkozna, miként kezelné azt?
3. Az új fajok leírása és a fajok filogenetikai viszonyainak vizsgálata során egyre gyakrabban használnak az rRNS-t kódoló kromoszómális szakaszoktól eltérő bar-code-okat is. A szerző szerint várható ezektől érdemi új információ? Vannak saját tapasztalatai a területen?
4. A filogenetikai elemzéseknél gyakran csak a szubsztitúciókat veszik figyelembe, a deléciókat/inszerciókat figyelmen kívül hagyják. A szerző is élt ezzel a gyakorlattal. Mi indokolja, hogy az utóbbiakat irrelevánsnak kell tekinteni filogenetikai értelemben?

A doktori munka tudományos eredményei elegendők az MTA doktori cím megszerzéséhez, számos vonatkozásban jelentős mértékben meg is haladják az elvárásokat.

Javasolom a nyilvános vita kitűzését.

Debrecn, 2020 augusztus 27.

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Sipiczki Máttyás'.

Sipiczki Máttyás