



## Ялгаатай эх үүсвэрээс ялгасан хөрөнгөнцрийн шинж чанар

С.Мөнх-Эрдэнэ, Б.Лхагвадолгор, М.Нарангэрэл, Б.Урантүлхүүр\*

Мал аж ахуй, биотехнологийн сургууль, ХААИС

\*Холбоо барих хаяг: [urantulkhuur.b@muls.edu.mn](mailto:urantulkhuur.b@muls.edu.mn)

### ХУРААНГУЙ

Монголчуудын эрт үеэс хэрэглэж ирсэн зарим уламжлалт исгэлэн бүтээгдэхүүн, сүү, сүүн бүтээгдэхүүний дайвар түүхий эд болох шар сүү, жимснээс хөрөнгөнцрийн цэвэр өсгөвөр ялган авч, тэдгээрийн морфологи, биохими, филогенетикийн шинж чанарыг судлав. МОН-21, 22, 23 болон 24 өсгөвөрүүд нь грам эерэг, эсийн урт нь 1.2-10.8 мкм, эсийн өргөн нь 0.5-6.0 мкм хэмжээтэй, пигмент үүсэлт нь цайвар шар өнгөтэй, жигд бөөгнөрсөн, дугуй, товгор хэлбэртэй, МОН-21 өсгөвөр нь нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр галактоз, декстроз, МОН-22 өсгөвөр нь ксилоз декстроз, МОН-23 өсгөвөр нь сахароз, декстроз, ксилоз, фрюктоз, МОН-24 өсгөвөр нь мальтоз, ксилозыг тус тус ашиглаж чадахгүй байна. Дрожжийн ангилал зүйг ITS ген ашиглан тодорхойлоход, МОН-21 өсгөвөр нь *Pichia kudriavzevii* DGY49-тай 100%, МОН-22 нь *Saccharomyces cerevisiae* S5-тай 100%, МОН-23 өсгөвөр нь *Candida boidinii* NRRL Y-2332-тай 99.88%, МОН-24 өсгөвөр нь *Kluyveromyces marxianus* CCT 7735-тай 99.88% зүйлд тус тус ижил төсөөтэй байна. Мөн ITS1 болон ITS4 праймеруудыг ашиглан ялгасан өсгөвөрүүдийн зүйлийн генетик хамаарлыг тодорхойлоход, өсгөвөр МОН-23 болон МОН-24 нь бусад өсгөвөрүүдээс өөр хэмжээтэй буюу жижиг 18S рРНХ-ийн генийн молекултай, МОН-21 болон МОН-22 өсгөвөрүүд нь том 28S рРНХ-ийн генийн молекул хэмжээтэй байна. Эдгээр өсгөвөрүүдийг цаашид нарийвчлан судалж, исгэлтийн үйлдвэрлэлд ашиглах боломжтой хөрөнгө гарган авах, цэвэр өсгөврийн сан байгуулах, бүртгэлжүүлэх, дата мэдээлэл үүсгэх, үндэсний үйлдвэрлэлийг хөрөнгөөр хангах боломжийг нээж өгнө.

**Түлхүүр үг:** хөрөнгөнцөр, *kluyveromyces marxianus*, рРНХ, *pichia kudriavzevii*, декстроз

### ОРШИЛ

Хөрөнгөнцөр нь хемоорганотроф организм бөгөөд нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр гексозуудаас глюкоз, фруктоз, дисахаридуудаас сахароз, мальтоз зэрэг сахарыг ашигладаг [3]. Зарим зүйлийн хөрөнгөнцөр нь пентозыг (ксилоз) бодисын солилцоонд оруулж, спирт, органик хүчил болгон хувиргадаг. Хөрөнгөнцрийн ашигтай физиологийн шинж чанарыг биотехнологийн салбарт ашиглахад хүргэсэн бөгөөд *Saccharomyces* болон *Kluyveromyces* төрлийн зүйлүүд нь пробиотик шинж чанартай байдаг. Хөрөнгөнцрийн оролцоотой сахарыг исгэлтийн процесст оруулах технологи нь эртний арга хэдий ч орчин үед хамгийн өргөн дэлгэр хэрэглэдэг технологи болоод байна. Генетик болон эсийн биологийн судалгаанд загвар организмээр ашиглаж байгаа нь биологийн хяналтын хүчин зүйл болгон хэрэглэх боломжтой юм [4, 12]. Хөрөнгөнцөр нь сахарыг этилийн спирт болгон хувиргах чадварыг биотехнологийн үйлдвэрлэлд биотүлш үйлдвэрлэхэд ашиглаж байна [10, 11]. Биотехнологийн үйлдвэр нийгмийн томоохон асуудлын нэг болох хүнсний

хангамжийг сайжруулахад чухал үүрэг гүйцэтгэдэг. Иймээс микроорганизмыг хүн амын хүнс, түүний дотор уураг, фермент, витамин хангамжийг сайжруулах, ферментацийн бодисын солилцооноос үүсэх метаболит бүтээгдэхүүнээр хангах зэрэг нь хурдан үржиж, өсдөг онцлог чанарт үндэслэж байна. Тиймээс олон янзын, их хэмжээний субстратыг ашиглаж болох шинэ хөрөнгөнцрийн зүйлийг олж илрүүлэхийн тулд, олон янзын эх үүсвэрээс ялгах судалгааны ажлууд хийгдэж байна. Kurtzman and Piskur нар хөрөнгөнцөр нь тодорхой таксоном буюу филогенетик бүлгийг үүсгэдэггүй бөгөөд одоогийн байдлаар бүх хөрөнгөнцрийн зүйлийн зөвхөн 1% -ийг тодорхойлсон гэсэн тооцоо байдаг [7]. Энэхүү судалгааны зорилго нь өөрийн орны уламжлалт исгэлэн бүтээгдэхүүн, сүү, сүүн бүтээгдэхүүний дайвар түүхий эд болох шар сүү, жимснээс олон төрлийн субстратыг (түүхий эд) хувиргах, исгэлтийн үйлдвэрлэлд ашиглах боломжтой хөрөнгөний цэвэр өсгөвөр ялган авахад оршино.

### СУДАЛГААНЫ АРГА ЗҮЙ

Бид 2019 оны 8-р сард Хөвсгөл аймгаас нэрсний дээж, Дундговь аймгийн Гурвансайхан сумаас айрагны дээж, Улаанбаатар хот “Сүү” ХХК-аас аарцны шар сүүний дээж тус тус цуглуулан хөрөнгөнцрийн цэвэр өсгөвөр ялгав. Судалгаанд YPD (дрожж, пептон, декстроз) шингэн тэжээлт орчин, YPDA (дрожжи, пептон, декстроз, агар) хатуу тэжээлт орчинг ашиглан хөрөнгөнцрийг 30°C-т 24 цаг өсгөвөрлөв. Цэвэр өсгөвөрүүдийн морфологи шинж чанарыг метилийн хөхөөр, өсгөвөржилтийг уламжлалт аргаар, биохими шинж чанарыг сахароз, глюкоз, лактоз, галактоз, мальтоз, ксилоз, фрюктоз, декстрозтой орчинд ургуулж, филогенетик шинж чанарыг ITS генээр тус тус тодорхойлов. Филогенетик шинж чанарыг судлахдаа ДНХ ялгах хөрөнгөнцрийг YPD (дрожж, пептон, декстроз) шингэн тэжээлийн орчинд 30°C хэмд 24 цаг ургуулж, FastDNA SPIN кит (MP Biomedicals, Irvine, CA, USA) аргачлалын дагуу ДНХ ялгав. Цэвэршүүлсэн ДНХ дээжийг 100 нанограм/мкл хүртэл шингэлж, 18S болон 28S рДНХ генийг олшруулахдаа ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3'), ITS2 (5'-GCATCGATGAAGAACGCAGC-3'), ITS3 (5'-GCATCGATGAAGAACGCAGC-3') болон ITS4

(5'-GCATATCAATAAGCGGAGGA-3') праймеруудыг ашиглав [16]. Полимеразын гинжин урвал явуулахдаа нийт урвалын хэмжээг 50 мкл тооцож, 2 мкл ДНХ дээж (100 нанограм/мкл), 5 мкл 10 × буффер (Mg<sup>2+</sup>), 4 мкл dNTP (10мМ/л), 1.5 мкл (10 пМ/мкл) праймер, 0.5 мкл Таq ДНХ полимераза фермент (5 Н/мкл) болон 35.5 мкл нэрмэл ус нэмсэн. Урвалын нөхцөл нь 18S болон 28S рДНХ –ийг олшруулахад денатурацийн шат 94°C- 5 минут, 30 удаа 94°C- 1 мин, 58°C - 1 мин, 72°C – 2 мин, 72°C – 10 мин, 4°C-барих гэсэн ПГУ-ын протоколоор явуулсан. 5 мкл олшруулсан бүтээгдэхүүнийг 1%-ийн агарозын гелиэр гүйлгэн этидиум бромидоор будсан. Олширсон хэсгийг хэт ягаан туяаны тусгалаар харж зургийг нь буулгаж авсан. ПГУ-ын дээжийг БНСУ-ын Genotech компани руу явуулан ДНХ дарааллыг тогтоолгов. ДНХ дарааллыг Биотехнологийн үндэсний мэдээллийн сангийн бласт (<http://www.blast.ncbi.nlm.nih.gov>) программаар хайлт хийж хөрөнгөнцрийн төрөл, зүйлийг тодорхойлов. Филогенетик модыг MEGA 7.0 программ (<http://www.megasoftware.net>) ашиглан байгуулав.

### СУДАЛГААНЫ ҮР ДҮН

Бид судалгаандаа шар сүү, жимс, айрагнаас ялгасан, хөрөнгөнцрийн 4 цэвэр өсгөвөр сонгон

авч тэдгээрийн морфологи, биохими, филогенетикийн шинж чанарыг тодорхойлов.

Table 1

Cultural characteristics of yeast isolates				
Код	MON-21	MON-22	MON-23	MON-24
Микроорганизмын нэр	<i>Pichia kudriavzevii</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	<i>Candida boidinii</i>	<i>Kluyveromyces marxianus</i>
Грамын будаглалт	+	+	+	+
Пигмент	Тосорхог цагаан	Тосорхог цагаан	Тосорхог цагаан	Тосорхог цагаан
Колоны морфологи	Хавтгай, бөөрөнхий	Зуувандуу/хүрээтэй	Хавтгай, жигд	Хавтгай, жигд бөөгнөрсөн
Эсийн урт (мкм)	1.2-3.0	2.0-8.0	1.5-8.0	5.0-5.0
Эсийн өргөн (мкм)	1.5-3.5	0.5-3.0	5.0-6.0	2.0-5.0

(+) = грам ээрэг, (-) = грам сөрөг

МОН-21, 22, 23, 24 өсгөвөрүүд нь эсийн урт нь 1.2-8.0 мкм, эсийн өргөн нь 0.5-6.0 мкм хэмжээтэй, пигмент үүсэлт нь цайвар шар өнгийн,

жигд бөөгнөрсөн, дугуй, товгор хэлбэртэй байна. (Хүснэгт 1 болон Зураг 1).

Table 2

Биохимийн шинж чанар	Биохимическая характеристика изолятов			
	Өсгөвөр			
	MON-21 <i>P.kudriavzevii</i>	MON-22 <i>S.cerevisiae</i>	MON-23 <i>C.boydii</i>	MON-24 <i>K.marxianus</i>
Сахароз	+	+	ND	+
Глюкоз	+	+	+	+
Лактоз	+	ND	+	+
Галактоз	ND	+	+	+
Мальтоз	+	+	+	ND
Ксилоз	+	ND	ND	ND
Фруктоз	+	+	ND	+
Декстрин	ND	ND	ND	+

ND – not determined (илрээгүй)

МОН-21 өсгөвөр нь нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр сахароз, глюкоз, лактоз, мальтоз, ксилоз, фруктоз, МОН-22 өсгөвөр нь сахароз, глюкоз, галактоз, мальтоз, фруктоз, МОН-23 өсгөвөр нь глюкоз, лактоз, галактоз, мальтоз, МОН-24 өсгөвөр нь сахароз, глюкоз, лактоз, мальтоз, фруктоз, декстроз тус тус ашиглаж байна. Харин МОН-21

өсгөвөр нь нүүрс-усны эх үүсвэрээр галактоз, декстроз, МОН-22 өсгөвөр нь ксилоз, лактоз, декстроз, МОН-23 өсгөвөр нь сахароз, декстроз, ксилоз, фруктоз, МОН-24 өсгөвөр нь малтоз, ксилозыг тус тус ашиглаж чадахгүй байна (Хүснэгт 2).

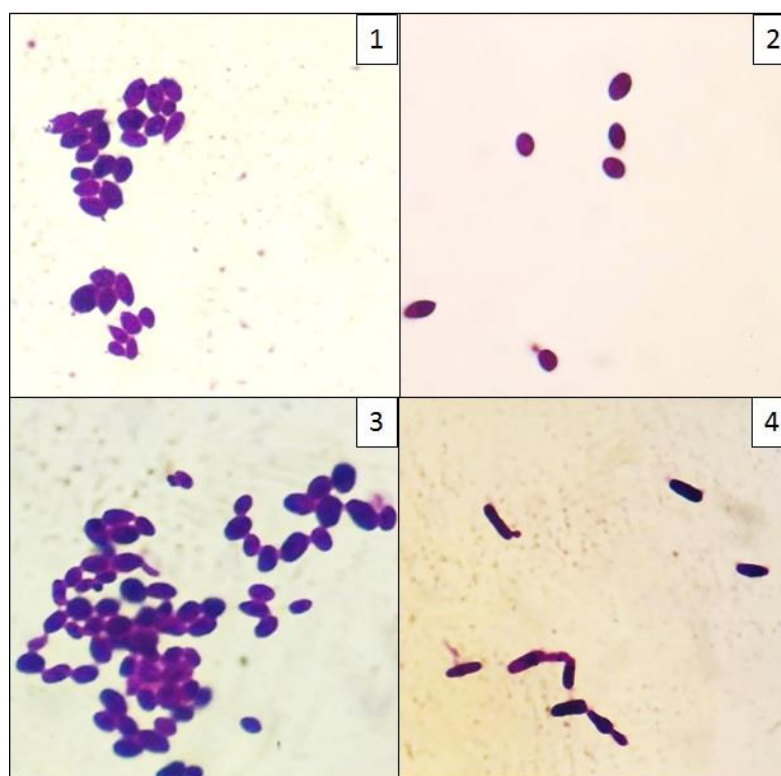


Figure 1. Microscopic characteristics of yeast strains (100x magnification). 1. *P.kudriavzevii*, 2. *K.marxianus*, 3. *S.cerevisiae*, 4. *C.boydii*

Table 3

Molecular identity of yeast species isolated by the rDNA sequencing					
Код	Микроорганизм	Эх үүсвэр	Төст байдал	NCBI дугаар	Генийн дараалал
MON-21	<i>Pichia kudriavzevii</i>	Аарцны шар сүү	100%	MT079139	ITS1/ITS4
MON-22	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Айраг	100%	MT079140	ITS1/ITS4
MON-23	<i>Candida boidinii</i>	Нэрс	99.88%	MT079141	ITS1/ITS4
MON-24	<i>Kluyveromyces marxianus</i>	Аарцны шар сүү	99.88%	MT079142	ITS1/ITS4

Филогенетикийн модноос харахад NCBI-ийн генетик мэдээллийн санд MT079141 дугаартай бүртгэгдсэн *C.boidinii* MON-23 хөрөнгөнцөр нь NCBI-ийн генетик өгөгдлийн сангаас илрүүлсэн *C.ooitensis* JCM 9443, *C.boidinii* NRRL Y-2332 болон *C.maris* NRRL Y-6696 өсгөвөрүүдтэй нэг кластерт, MT079142 дугаартай *K.marxianus* MON-24 хөрөнгөнцөр нь *K.marxianus* DMKU3-1042, *K.lactis*, *K.wickerhamii* өсгөвөрүүдтэй нэг кластерт, *S.cerevisiae* MON-22 хөрөнгөнцөр нь *S.cerevisiae* large subunit, *P.kudriavzevii* MON-21

хөрөнгөнцөр нь *P.cecembensis* CBS:10445, *P.kudriavzevii* өсгөвөрүүдтэй тус тус бүлэглэгдэж байна (Зураг 2). Хөрөнгөнцрийн ангилал зүйг ITS ген ашиглан тодорхойлоход, MON-21 өсгөвөр нь *P.kudriavzevii* DGY49 тай 100%, MON-22 өсгөвөр *S.cerevisiae* S5-тай 100%, MON-23 өсгөвөр *C.boidinii* NRRL Y-2332-тай 99.88%, MON-24 өсгөвөр *K.marxianus* CCT 7735-тай 99.88% ижил байгаа болохыг тодорхойлов (Хүснэгт 3).

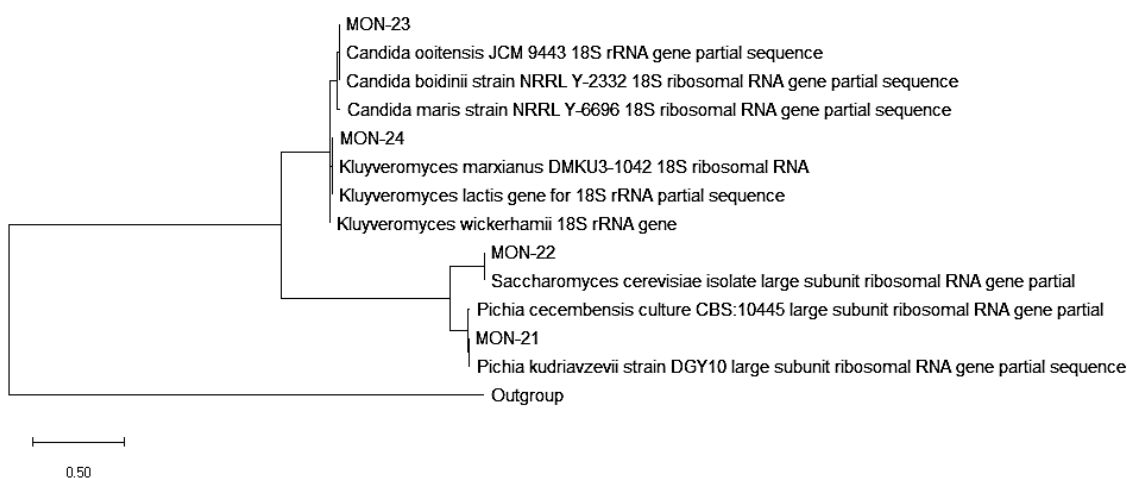


Figure 2.

Phylogenetic dendrogram of 18S and 28S genes sequences. A bar represents 0.50 substitutions per nucleotide position. MON-21 *P.kudriavzevii*, MON-22 *S.cerevisiae*, MON-23 *C.boidinii*, MON-24 *K.marxianus*.

### ШҮҮН ХЭЛЭЛЦЭХҮЙ

Бид Монгол орны өөр өөр эх үүсвэрээс хөрөнгөнцрийн цэвэр өсгөвөр ялган авч, морфологи, физиологи, фиолгенетикийн шинж чанарыг судаллаа. MON-21, 22 өсгөвөрүүд нь эсийн урт нь 1.2-8.0 мкм, эсийн өргөн нь 0.5-8.0 мкм хэмжээтэй, пигмент үүсэлт нь цайвар шар өнгийн, жигд бөөгнөрсөн, дугуй, товгор хэлбэртэй байгаа нь ОА.Adesanya, КА.Oluyeti нарын судалгааны ажилтай дүйцэж байна [2]. Oyeleke SB, Jibrin NM [10] болон Mohd [9] нар

зарим хөрөнгөнцрийн этанол үүсэлтийн хэмжээг өөр өөр нүүрстөрөгчийн эх үүсвэр дээр судалгаа хийж, гексоз болон пентозын сахар ашигладаг болохыг тогтоосон. MON-24 өсгөвөр нь нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр галактозыг ашиглаж, MI.Rajoka, S.Khan болон А.М.Ebabhi, А.А.Adekunle, нарын судалгаагаар *K. marxianus* хөрөнгөнцөр нь галактозыг нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр ашиглаж байгаа нь β-галактозидаза ферментийг нийлэгжүүлдэгтэй холбоотой

судалгааны ажилтай дүйж байна [14, 17]. МОН-22 өсгөвөр нь лактозыг нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр ашиглаж чадахгүй байгаа нь MI.Rajoka, S.Khan нарын *Saccharomyces* төрлийн зүйлүүд нь лактаза ферментийг нийлэгжүүлдэггүй тул лактозыг ашиглаж чаддаггүй судалгааны ажилтай нийцэж байна [14]. A.Saber, A.Y.Khosrroushahi, Z.Faghfoori нарын сүү, сүүн бүтээгдэхүүн дээр хийсэн хөрөнгөнцрийн төрөл зүйлийг тодорхойлох ITS генийн дарааллаар МОН-21, МОН-23, МОН-24 өсгөвөрүүд нь хамгийн их бяслаг болон тараг дээр илэрч байгаа нь бидний судалгаагаар эдгээр өсгөвөрүүд нь айраг болон шар сүү дээр илэрсэн байна [19]. Д. Цэрэндулам, Ч. Дуламсүрэн нар 2005 онд аарцны шар сүүнд дрожжийн

*K.marxianus*-33, *K.fragilis* ВТ-15, *Saccharomyces lactis*-54 омгуудыг өсгөвөрлөн исэлт явуулж этилийн спирт гарган авах боломжийг судалж, 0-15% хүртэл этилийн спирт нийлэгжүүлсэн нь гадаадын судлаачдын (9.5-10.5%) дүнтэй харьцуулахад 1.4-1.6 дахин их *K.marxianus*-33 омог 15% хүртлэх хамгийн өндөр хувиар этилийн спирт нийлэгжүүлж байгаа өндөр идэвхтэй нутгийн омгуудыг олж илрүүлэх судалгааны ажлууд хийх шаарлагатай байна. SCP.Kurtzman, J.Piskur нарын судалгаагаар хөрөнгөнцрийн таксономийн ангилал зүйн хамааралд бидний ялгасан МОН-21, 22, 23, 24 өсгөвөрүүд нь төрөл зүйлийн хувьд үнэн зөв групплэгдсэн байна.

## ДҮГНЭЛТ

1. Судалгаанд сонгож авсан 4 дээжнээс хөрөнгөнцрийн 4 цэвэр өсгөвөр ялган авч, ITS генийн дарааллаар төрөл зүйлийг тодорхойлоход, *Pichia kudriavzevii* МОН-21, *Saccharomyces cerevisiae* МОН-22, *Candida boidinii* МОН-23, *Kluyveromyces marxianus* МОН-24 зүйлүүдээр тодорхойлогдов.
2. Дээрх өсгөвөрүүд нь нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр глюкозыг бүгд ашиглаж байна. Клизозыг МОН-21 өсгөвөр, декстрозыг

МОН-24 өсгөвөр тус тус эх үүсвэрээр зөвхөн ашиглаж байна. МОН-23 өсгөвөр сахароз болон фруктоз, МОН-22 өсгөвөр лактоз, МОН-21 өсгөвөр галактозыг нүүрстөрөгчийн эх үүсвэрээр ашиглаж чадахгүй байна.

3. Олон төрлийн, нүүрс-ус агуулсан субстратыг(түүхий эд) хувиргаж, исгэлтийн үйлдвэрлэлд ашиглах хөрөнгө гарган авахад ашиглах боломжтой юм.

## АШИГЛАСАН БҮТЭЭЛИЙН ЖАГСААЛТ

- [1] M.Abouzied, CA.Reddy. Direct fermentation of potato starch to ethanol by coculture of *Aspergillus niger* and *Saccharomyces cerevisiae*. *Appl. Environ. Microbiol.* 1986. 52(5):1055-1057.
- [2] OA.Adesanya, KA.Oluyemi, SJ.Josiah, RA.Adesanya, DA.Ofusori, MA.Bankole, GB.Babalola. Ethanol production by *Saccharomyces cerevisiae* from cassava peels hydrolysate. *Internet J. Microbiol.* 2008.5:1.
- [3] JA.Barnett. The entry of D-ribose into some yeasts of the genus *Pichia*. *J. Gen. Microbiol.* 1975. 90(1):1-12.
- [4] A.Chanchaichaovivat, P.Ruenwongsa, B.Panijpan. Screening and identification of yeast strains from fruits and vegetables: Potential for biological control of postharvest chilli anthracnose (*Colletotrichum capsici*). *Biol. 2007. Contr.* 42:326–335.
- [5] D.Ellis, S.Davis, H.Alexiou, R.Handke, R.Bartley. Description of Medical Fungi. Mycological Unit, Women's and Children's Hospital, North Adelaide, 2007. p. 198.
- [6] T.Gadaga, HAN.Mutukumira, JA.Narvhus. Enumeration and identification of yeasts isolated from Zimbabwean traditional fermented milk. *Int. Dairy J.* 2000. 10:459-466.
- [7] CP.Kurtzman, J.Piskur. Taxonomy and phylogenetic diversity among the yeasts. In: Sunnerhagen, P. and Piskur, J. (Eds). *Comparative Genomics: Using Fungi as Models*. Berlin: *Springer-Verlag, Berlin*, 2006. pp. 29-46.
- [8] K.Kathiresan, SK.Saravanakumar. Bio-ethanol production by marine yeasts isolated from coastal mangrove sediment. *Int. Multidiscipl.* 2011. *Res. J.* 1(1):19-24.
- [9] AK.Mohd, SK.Loh, A.Nasrin, A.Astimar, MS.Rosnah. Bioethanol production from empty fruit bunches hydrolysate using *Saccharomyces cerevisiae*. *Res. J. Environ. Sci.* 2011. 5(6):573-586.
- [10] SB.Oyeleke, NM.Jibrin. Production of bioethanol from guinea corn husk and millet husk. *Afr. J. Microbiol. Res.* 2009. 3(4):147-152.

- [11] FCK.Ocloo, GS.Ayernor. Production of alcohol from cassava flour hydrolysate. *J. Brew. Distill.* 2010. 1(2):15-21.
- [12] F.Qing, T.Shiping. Postharvest biological control of Rhizopus rot of nectarine fruits by *Pichia membranefaciens*. *Plant Dis.* 2000. 84(11):1212–1216.
- [13] P.Senthilraja, K.Kathiresan, K.Saravanakumar. Comparative analysis of bioethanol production by different strains of immobilized marine yeast. *J. Yeast Fungal Res.* 2011. 2(8):113–116.
- [14] MI.Rajoka, S.Khan, R.Shahid. Kinetics and regulation studies on the production of  $\beta$ -galactosidase from *Kluyveromyces marxianus* grown on different substrates. *Food Tech. Biotech.* 2003. 41:315-320.
- [15] H.Rohm, F.Eliskases-Lechner, M.Brauer. Diversity of yeasts in selected dairy products. *J. Appl. Bacteriol.* 1992. 72:370-376.
- [16] T.J.White, T.Bruns, S. Lee, and J. Taylor. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics, 1990. p. 315-322. In M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, and T. J. White (ed.), PCR protocols: a guide to methods and applications. Academic Press, San Diego, Calif.
- [17] A.M.Ebabhi, A.A.Adekunle, W.O.Okunowo and A.A.Osuntoki. Isolation and characterization of yeast strains from local food crops. *J.Yeast Fungal Res.* 2013. Vol. 4(4). Pp. 38-43
- [18] J.Maji, B.C.Mukhopadhyay, S.Mitra, S.R.Biswas. Molecular Characterization of Yeasts and Bacteria Isolated From Handia, an Indian Traditional Rice Fermented Alcoholic Beverage. 2018. *American Journals of Current Microbiology.* 6:1-12.
- [19] A.Saber, A.Y.Khosroushahi, Z.Faghfoori, M.Seyyedi, B.Alipour. Molecular identification and probiotic characterization of isolated yeasts from Iranian traditional dairies. 2019. *Progress in Nutrition.* Vol. 21, Supplement 1: 445-457
- [20] Д. Цэрэндулам, Ч. Дуламсүрэн, Ч. Долгорсүрэн. “Спирт гаргах шар сүүний орчинг сонгосон судлагаа”. 2005. Биологийн хүрээлэнгийн бүтээл. No 25:270-274.
- [21] Watanabe K, Fujimoto J, Sasamoto M, Dugersuren J, Tumursuh T, Demberel S. Diversity of lactic acid bacteria and yeasts in Airag and Tarag, traditional fermented milk products of Mongolia. 2008. *World Journal of Microbiology & Biotechnology,* (8):1313-1325

## Isolation and characterization of yeast from different sources

Munkh-Erdene Sugarragchaa, Lhagvadolgor Batjargal, Narangerel Mijid, Urantulkhuur Battumur\*

School of Animal Science and Biotechnology, Mongolian University of Life Sciences,  
Ulaanbaatar, Mongolia

\*Corresponding author: urantulkhuur.b@mul.s.edu.mn

### ABSTRACT

Four strains of yeasts isolated from some mare's fermented milk, whey and fruit were identified using their morphology, biochemistry and phylogenetic characteristics. These yeasts belonged to four genera viz: *Candida* (one strain), *Pichia* (one strain), *Saccharomyces* (one strain) and *Kluyveromyces* (one strain). The physiological and biochemical tests of the yeasts carried out showed all isolates to ferment glucose for their growth. All isolates showed elliptical to round spores. *Pichia kudriavzevii* was able to ferment xylose of the four isolates. The assimilation and fermentation of most sugars by the isolates was variable. The blast sequence query showed that *Saccharomyces cerevisiae* and *Pichia kudriavzevii* had maximum identity (100%) with the genomic DNA sequence of MON-21 and MON-22, respectively at both ITS. Isolate *Candida boidinii* MON-23 was 100% homologous to *Candida boidinii* 18S rRNA gene sequence. The blast sequence query showed that *Kluyveromyces marxianus* MON-24 has the maximum identity (99%) with the genomic DNA sequence of *Kluyveromyces marxianus* at ITS 1 and ITS 4 sequence with that in the Genbank Library Database. Using MEGA 7 software, the phylogenetic trees were constructed to determine the evolutionary relationship of newly identified yeasts from our experiment and previously published yeast species. The sequences of the yeasts were deposited in the National Center for Biotechnology Information (NCBI) database.

**Key words:** Yeast, *Kluyveromyces marxianus*, rRNA, *Pichia kudriavzevii*, Dextrose