

Сергей Витальевич Хижняк<sup>1</sup>, Софья Владимировна Овсянкина<sup>2</sup>,  
Полина Александровна Аболенцева<sup>3</sup>, Оксана Александровна Коленчукова<sup>4</sup>,  
Александра Николаевна Ступина<sup>5</sup>

<sup>1,2,3,4</sup>Красноярский государственный аграрный университет, Красноярск, Россия

<sup>4</sup>НИИ медицинских проблем Севера ФИЦ КНЦ СО РАН, Красноярск, Россия

<sup>5</sup>Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия

<sup>1</sup>skhizhnyak@yandex.ru

<sup>2</sup>sofi-kras@mail.ru

<sup>3</sup>polina18.ti@gmail.com

<sup>4</sup>kalina-chyikova@mail.ru

<sup>5</sup>1992alexander@mail.ru

### МИКРОБИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КОРМОВ РАСТИТЕЛЬНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ В ХОЗЯЙСТВАХ КРАСНОЯРСКОГО КРАЯ

Цель исследования – изучение микробиологической обсемененности кормов растительного происхождения, используемых в животноводстве в хозяйствах Красноярского края. Для определения качественного и количественного состава различных групп микроорганизмов использовали из УНПК «Борский» Сухобузимского района зерносмесь (50 % яровая пшеница, 30 % ячмень, 20 % овес) и общую пробу многолетних трав с двух пастбищ. Из ООО «ОПХ Соляное» для исследований использовали четыре образца: кормосмесь и каждый компонент кормосмеси отдельно – зерносмесь, силос, сенаж (горохо-овсяная смесь). Для всех образцов был характерен очень высокий уровень микробной обсемененности. Общее микробное число (ОМЧ) варьировало от  $1,00 \cdot 10^{10}$  до  $4,74 \cdot 10^{14}$  КОЕ на 1 г; число мицелиальных грибов – от 0 до  $1,20 \cdot 10^6$  КОЕ на 1 г; число дрожжей и дрожжеподобных грибов – от 0 до  $2,91 \cdot 10^7$  КОЕ на 1 г; число *Staphylococcus aureus* – от 0 до  $9,69 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число *Staphylococcus epidermidis* – от 0 до  $5,80 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число *Shigella sonnei* – от 0 до  $1,60 \cdot 10^4$  КОЕ/г; число *Salmonella* spp. – от 0 до  $6,75 \cdot 10^4$  КОЕ/г; число *Escherichia coli* – от 0 до  $5,00 \cdot 10^3$  КОЕ/г; число бактерий группы кишечной палочки (БГКП) – от 0 до  $5,21 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число *Enterococcus* spp. – от 0 до  $7,25 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число молочнокислых бактерий (р.р. *Lactiplantibacillus* и *Lactobacillus*) – от 0 до  $6,82 \cdot 10^8$  КОЕ/г. Представители р. *Clostridium* не обнаружены ни в одном образце. Каких-либо корреляций между содержанием изученных групп микроорганизмов в исследованных образцах не выявлено. Степень обсемененности конкретными группами микроорганизмов зависит главным образом не от производителя кормов, а от вида корма. Максимальная общая микробиологическая загрязненность характерна для пастбищной травы, минимальная – для силоса. Несмотря на высокий уровень загрязнения четырех из шести образцов кормов мицелиальными грибами, микотоксины не выявлены ни в одном из изученных образцов.

**Ключевые слова:** силос, сенаж, зерносмесь, пастбищная трава, кормосмесь, микробная обсемененность, бактерии, грибы, дрожжи

**Для цитирования:** Хижняк С.В., Овсянкина С.В., Аболенцева П.А., и др. Микробиологическая характеристика кормов растительного происхождения в хозяйствах Красноярского края // Вестник КрасГАУ. 2026. № 2. С. 139–149. DOI: 10.36718/1819-4036-2026-2-139-149.

**Финансирование:** исследования выполнены в ходе тематического плана-задания по заказу Минсельхоза РФ № 304 «Разработка порядка диагностики состояния микробиоты и мер по сохранению или восстановлению нормальной микробиоты сельскохозяйственных животных (1-й этап)».

Sergey Vitalyevich Khizhnyak<sup>1</sup>, Sofya Vladimirovna Ovsyankina<sup>2</sup>,  
Polina Aleksandrovna Abolentseva<sup>3</sup>, Oksana Aleksandrovna Kolenchukova<sup>4</sup>,  
Alexandra Nikolaevna Stupina<sup>5</sup>

<sup>1,2,3,4</sup>Krasnoyarsk State Agrarian University, Krasnoyarsk, Russia

<sup>4</sup>Research Institute of Medical Problems of the North, FRC SB RAS, Krasnoyarsk, Russia

<sup>5</sup>Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia<sup>1</sup>skhizhnyak@yandex.ru

<sup>2</sup>sofi-kras@mail.ru

<sup>3</sup>polina18.ti@gmail.com

<sup>4</sup>kalina-chyikova@mail.ru

<sup>5</sup>1992alexander@mail.ru

## MICROBIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF PLANT ORIGIN FEED IN THE KRASNOYARSK REGION FARMS

The aim of the study is to investigate the microbiological contamination of plant-based feed used in livestock farming on farms in the Krasnoyarsk Region. To determine the qualitative and quantitative composition of various groups of microorganisms, a grain mixture (50 % spring wheat, 30 % barley, 20 % oats) and a total sample of perennial grasses from two pastures were used from the Borskiy Agricultural Production Complex in the Sukhobuzimsky District. Four samples were used for the research from Solyanskoye Agricultural Farm LLC: the feed mixture and each component of the feed mixture separately – grain mixture, silage, haylage (pea-oat mixture). All samples were characterized by a very high level of microbial contamination. The total microbial count (TMC) ranged from  $1,00 \cdot 10^{10}$  до  $4,74 \cdot 10^{14}$  CFU per 1 g; the number of mycelial fungi — from 0 to  $1,20 \cdot 10^6$  CFU per 1 g; The number of yeasts and yeast-like fungi is from 0 to  $2,91 \cdot 10^7$  CFU per 1 g; The number of *Staphylococcus aureus* is from 0 to  $9,69 \cdot 10^5$  CFU/g; The number of *Staphylococcus epidermidis* is from 0 to  $5,80 \cdot 10^5$  CFU/g; The number of *Shigella sonnei* is from 0 to  $1,60 \cdot 10^4$  CFU/g; The number of *Salmonella* spp. is from 0 to  $6,75 \cdot 10^4$  CFU/g; The number of *Escherichia coli* is from 0 to  $5,00 \cdot 10^3$  CFU/g; The number of coliform bacteria is from 0 to  $5,21 \cdot 10^5$  CFU/g; The number of *Enterococcus* spp. is from 0 to  $7,25 \cdot 10^5$  CFU/g; the number of lactic acid bacteria (s.r. *Lactiplantibacillus* and *Lactobacillus*) – from 0 to  $6,82 \cdot 10^8$  CFU/g. Representatives of the genus *Clostridium* were not detected in any of the samples. No correlations were found between the levels of the studied microbial groups in the samples. The level of contamination with specific microbial groups depends primarily on the feed type, not the feed manufacturer. The highest overall microbiological contamination was found in pasture grass, while the lowest was found in silage. Despite high levels of contamination with filamentous fungi in four of the six feed samples, mycotoxins were not detected in any of the samples.

**Keywords:** silage, haylage, grain mixture, pasture grass, forage mixture, microbial contamination, bacteria, fungi, yeast.

**For citation:** Khizhnyak SV, Ovsyankina SV, Abolentseva PA, et al. Microbiological characteristics of plant origin feed in the Krasnoyarsk Region farms. *Bulletin of KSAU*. 2026;(2):139-149. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2026-2-139-149.

**Funding:** the research was conducted as part of the thematic plan-assignment for the order of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation No. 304 "Development of a procedure for diagnosing the state of the microbiota and measures to preserve or restore the normal microbiota of farm animals (stage 1)".

**Введение.** Качество кормов в животноводстве определяется по степени контаминации их сапротрофной, условно-патогенной и патогенной микрофлоры [1–4]. Санитарную оценку состояния кормов растительного происхождения определяют по следующим показателям: общая бактериальная обсемененность, наличие патогенных микроорганизмов (pp. *Salmonella*, *Shigella*,

*Clostridium*, энтеропатогенные типы кишечной палочки, энтерококки и др.), количество плесневых грибов и продуцируемые ими микотоксины [4–6]. Высокая обсемененность сырья и кормов патогенными микроорганизмами ведет к низкой продуктивности, заболеваемости и гибели животных [3]. Микотоксинам присущи канцерогенные, аллергические, мутагенные, эмбриотокси-

ческие, тератогенные, иммунодепрессивные свойства. Они способны угнетать иммунитет, что может приводить к развитию инфекционных и неинфекционных заболеваний [7].

Для укрепления кормовой базы, повышения продуктивности животных, снижения экономического ущерба необходим микробиологический контроль за санитарными показателями качества кормов [1, 4].

**Цель исследования** – изучение микробной обсемененности кормов растительного происхождения, используемых в хозяйствах Красноярского края.

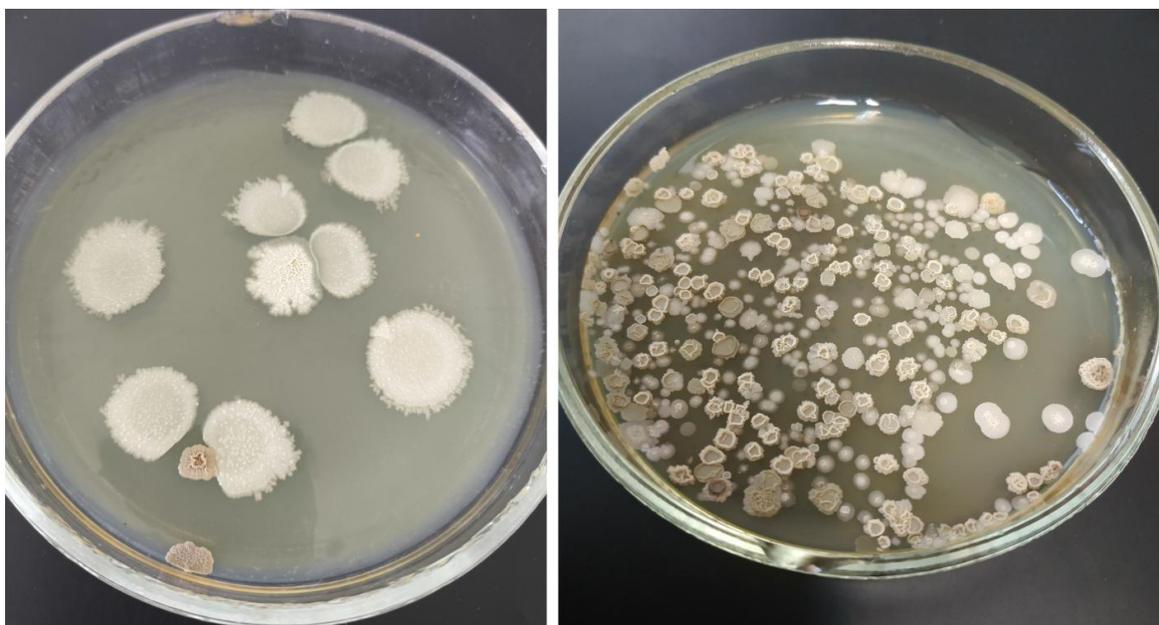
**Задачи:** изучение бактериальной обсемененности кормов растительного происхождения, используемых в УНПК «Борский» и в ООО «ОПХ Соляное»; изучение обсемененности кормов растительного происхождения, используемых в УНПК «Борский» и ООО «ОПХ Соляное», одноклеточными и мицелиальными грибами; анализ группировки кормов разного состава и происхождения по совокупности показателей микробной обсемененности с использованием методов многомерной статистики и рангового анализа.

**Объекты и методы исследований.** Объектами исследования служили корма для крупного рогатого скота, отобранные в двух хозяйствах

Красноярского края: УНПК «Борский», п. Борск, Сухобузимский район и ООО «ОПХ Соляное», с. Новая Солянка, Рыбинский район. Для определения качественного и количественного состава различных групп микроорганизмов использовали из УНПК «Борский» зерносмесь (50 % – яровая пшеница, 30 % ячмень, 20 % овес), заготовленную в 2023 г., и общую пробу многолетних трав с двух пастбищ. Из ООО «ОПХ Соляное» для исследований использовали четыре образца: кормосмесь и каждый компонент кормосмеси отдельно – зерносмесь, силос, сенаж (горохово-овсянная смесь).

Отбор проб производили в соответствии с ГОСТ ISO 6497-2014 «Корма. Отбор проб», ГОСТ 13496.0-2016 «Комбикорма, комбикормовое сырье. Методы отбора проб».

Подготовку исследуемого материала к анализам проводили следующим способом: брали среднюю пробу массой 0,5 кг, тщательно перемешивали с соблюдением основных правил асептики и измельчали. Затем навеску 1 г корма добавляли в 100 мл стерильной воды и гомогенизировали [8]. Полученную суспензию разбавляли до нужной концентрации клеток, используя классический метод серийных разведений [9]. Высев суспензии проводили поверхностным способом на плотные питательные среды.



*Рис. 1. Пример выделения бактерий с зерносмеси (слева) и пастбищной травы (справа) на «Питательной среде № 1 ГРМ» для подсчета общего количества бактерий  
An example of the isolation of bacteria from a grain mixture (left) and pasture grass (right) on “Nutrient medium № 1 GRM” for counting the total number of bacteria*

В качестве общего микробного числа учитывали количество мезофильных аэробных и факультативно анаэробных бактерий, способных к росту на среде «Питательная среда № 1 ГРМ» (ФБНУ «Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии») (рис. 1).

Для выделения и подсчета бактерий группы кишечной палочки (БГКП) использовали питательную среду «Агар Эндо-ГРМ» (ФБНУ «Государственный научный центр прикладной микро-

биологии и биотехнологии»). Колонии бактерий с характерным красным цветом, с металлическим блеском относили к *Escherichia coli*. Для выделения и подсчета бактерий видов *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus* использовали «Агар маннит-солевой» (Laboratorios Conda, S.A., Испания); *Salmonella* spp., *Shigella* spp. – «Агар Сальмонелла Шигелла модифицированный» (Laboratorios Conda, S.A., Испания) (рис. 2).

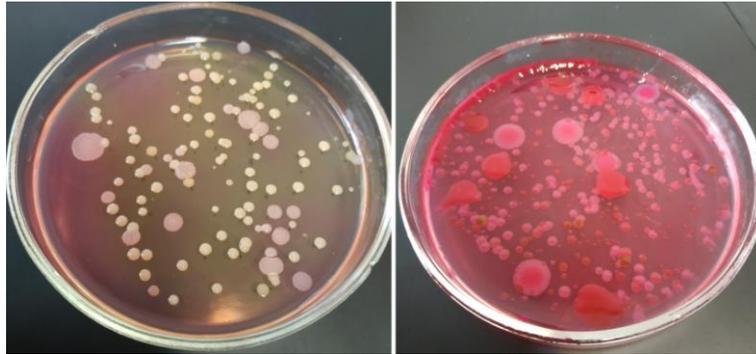


Рис. 2. Пример выделения БГКП с пастбищной травы на питательных средах «Агар маннит-солевой» (слева) и на «Агар Эндо-ГРМ» (справа)  
An example of the isolation of coliform bacteria from pasture grass on the nutrient media "Mannitol-salt agar" (left) and "Endo-GRM agar" (right)

Для выделения и подсчета бактерий *Lactobacillus* spp. использовали питательную среду «Агар Рогозы». Для выделения бактерий р. *Clostridium* использовали «Железосодержащий сульфитный агар». Культивирование облигатных и факультативных анаэробов производили в анаэроостате Schuett Standard. Для выделения и подсчета энтеробактерий использовали «Агар селективный для энтерококков». Питательные

среды – производства Laboratorios Conda, S.A., Испания. Образцы инкубировали при 37 °С. Подсчет колоний производили через 48 ч.

Для выделения и подсчета дрожжевых и плесневых грибов использовали «Агар Сабуро с декстрозой и хлорамфениколом», Laboratorios Conda, S.A., Испания. Образцы инкубировали при 25 °С. Подсчет колоний производили через 5 сут (рис. 3).



Рис. 3. Пример выделения с зерносмеси плесневых грибов (слева) и с силоса дрожжей (справа) на питательной среде «Агар Сабуро с декстрозой и хлорамфениколом»  
An example of the isolation of mold fungi from a grain mixture (left) and yeast from silage (right) on the nutrient medium "Sabouraud agar with dextrose and chloramphenicol"

В качестве программного обеспечения для обработки данных использовали пакет StatSoft STATISTICA 8.0. Анализ кормов на микотоксины проводили в агрохимслужбе ФГБУ ГЦАП «Красноярский».

**Результаты и их обсуждение.** Для всех образцов был характерен очень высокий уровень микробной обсемененности. Так, общее микробное число (ОМЧ) варьировало от  $1,00 \cdot 10^{10}$  до  $4,74 \cdot 10^{14}$  КОЕ на 1 г; число мицелиальных грибов – от 0 до  $1,20 \cdot 10^6$  КОЕ на 1 г; число дрожжей и дрожжеподобных грибов – от 0 до

$2,91 \cdot 10^7$  КОЕ на 1 г; число *Staphylococcus aureus* – от 0 до  $9,69 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число *Staphylococcus epidermidis* – от 0 до  $5,80 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число *Shigella sonnei* – от 0 до  $1,60 \cdot 10^4$  КОЕ/г; число *Salmonella* spp. – от 0 до  $6,75 \cdot 10^4$  КОЕ/г; число *Escherichia coli* – от 0 до  $5,00 \cdot 10^3$  КОЕ/г; число бактерий группы кишечной палочки (БГКП) – от 0 до  $5,21 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число *Enterococcus* spp. – от 0 до  $7,25 \cdot 10^5$  КОЕ/г; число молочнокислых бактерий (р. *Lactiplantibacillus* и *Lactobacillus*) – от 0 до  $6,82 \cdot 10^8$  КОЕ/г. Представители р. *Clostridium* не обнаружены ни в одном образце (табл. 1, 2).

Таблица 1

**Численность представителей разных групп микроорганизмов в изученных образцах в УНПК «Борский», КОЕ/г**  
**The number of representatives of different groups of microorganisms in the studied samples at the Borsky Scientific and Production Complex, CFU/g**

Показатель	Зерносмесь	Пастбищная трава
ОМЧ	$3,7 \cdot 10^{12}$	$6,33 \cdot 10^{11}$
Мицелиальные грибы	141 000	900 000
Дрожжи	0	300 000
<i>Staphylococcus aureus</i>	375 000	969 000
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0	44 000
<i>Shigella sonnei</i>	16 000	0
<i>Salmonella</i> spp.	0	16 000
<i>Escherichia coli</i>	5 000	3 000
БГКП	437 000	521 000
<i>Enterococcus</i> spp.	51 000	103 000
Молочнокислые бактерии (р. <i>Lactiplantibacillus</i> , <i>Lactobacillus</i> )	0	0
р. <i>Clostridium</i>	0	0

Здесь и далее: «0» означает, что микроорганизмы данной группы в соответствующем образце не выявлены.

Таблица 2

**Численность представителей разных групп микроорганизмов в изученных образцах в ООО «ОПХ Соляное», КОЕ/г**  
**The number of representatives of different groups of microorganisms in the studied samples at Solyanskoye Scientific and Production Farm, CFU/g**

Показатель	Зерносмесь	Силос	Сенаж	Кормосмесь
ОМЧ	$1,6 \cdot 10^{13}$	$5,5 \cdot 10^{11}$	$4,74 \cdot 10^{14}$	$1,00 \cdot 10^{10}$
Мицелиальные грибы	300 000	0	0	1 200 000
Дрожжи	0	7 800 000	13 500 000	29 100 000
<i>Staphylococcus aureus</i>	0	3 000	420 000	50 000
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2 000	3 000	0	580 000
<i>Shigella sonnei</i>	7 500	0	500	0
<i>Salmonella</i> spp.	500	0	67 500	0
<i>Escherichia coli</i>	0	0	0	0
БГКП	146 000	0	0	0
<i>Enterococcus</i> spp.	0	74 000	55 000	725 000
Молочнокислые бактерии (р. <i>Lactiplantibacillus</i> , <i>Lactobacillus</i> )	0	$6,82 \cdot 10^8$	$1,72 \cdot 10^8$	19 000 000
р. <i>Clostridium</i>	0	0	0	0

В среднем по всем образцам с большим отрывом лидируют мезофильные аэробные и факультативно анаэробные бактерии, способные к росту на среде МПА. Этот факт представляется вполне естественным, поскольку данная группа включает и другие изученные группы бактерий, за исключением строгих анаэробов. На втором месте по численности находятся молочнокислые бактерии, на третьем – дрожжи, на четвер-

том – мицелиальные грибы; на последнем – *E. coli* (рис. 4). Однако распределение численностей изученных групп микроорганизмов по хозяйствам статистически значимо ( $p < 0,001$  по тесту  $\chi^2$ ) различается. Так, например, в образцах из УНПК «Борский» не выявлены молочнокислые бактерии, а в образцах из ООО «ОПХ Соляное» не выявлена *E. coli* (рис. 5, 6).

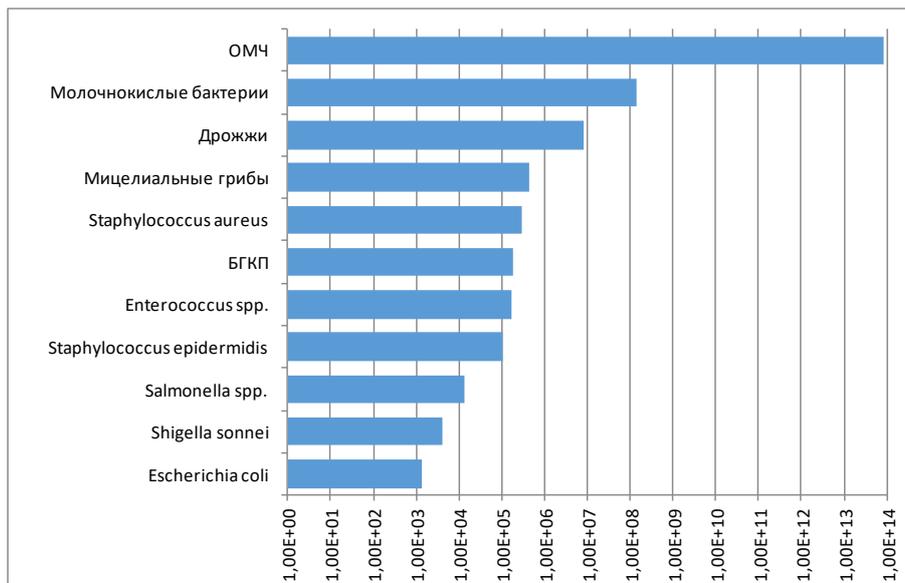


Рис. 4. Средняя по образцам численность изучаемых групп микроорганизмов (логарифмическая шкала), КОЕ/г  
Average number of studied microorganism groups in samples (logarithmic scale), CFU/g

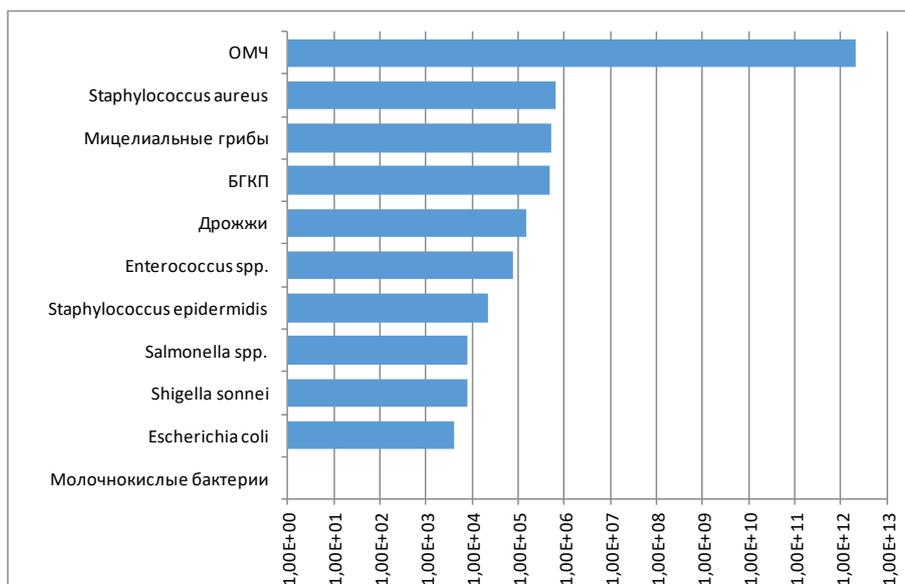


Рис. 5. Средняя по образцам численность изучаемых групп микроорганизмов в УНПК «Борский» (логарифмическая шкала), КОЕ/г  
Average number of studied groups of microorganisms in the samples at the Borsky Scientific and Production Complex (logarithmic scale), CFU/g

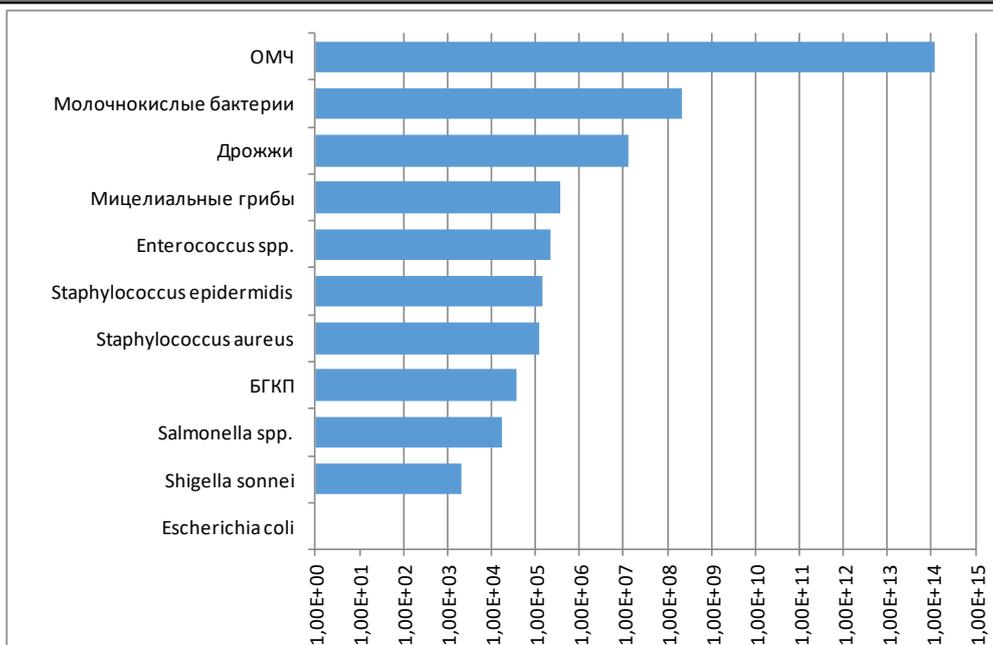


Рис. 6. Средняя по образцам численность изучаемых групп микроорганизмов в ООО «ОПХ Солянское» (логарифмическая шкала), КОЕ/г  
Average number of studied microorganism groups in samples at Solyanskoye Scientific and Production Farm (logarithmic scale), CFU/g

Представляется, что указанные различия в первую очередь связаны не со спецификой хозяйств, а со спецификой образцов. Действительно, три из четырех образцов кормов из ООО «ОПХ Солянское» представлены силосом, сенажом и кормосмесью (зерносмесь + силос + сенаж); для всех этих субстратов присутствие молочнокислых бактерий является естественным, что и отмечается в нашем исследовании. В то же время образцы кормов из УНПК «Борский» представлены зерносмесью и пастбищной травой, для которых присутствие молочнокислых бактерий нехарактерно, что и отмечено нами. При этом как минимум для одного из образцов из УНПК «Борский» (пастбищной травы) естественным является присутствие *E. coli*, которая поступает туда с фекалиями животных.

Индивидуальная специфика образцов проявилась и в том, что коэффициент конкордации Кендалла между образцами по микробиологическому составу имеет крайне низкое значение – 0,0749.

Не выявлено каких-либо корреляций между содержанием изученных групп микроорганизмов в исследованных образцах. Несмотря на то что статистически значимые ( $p < 0,05$ ) коэффициен-

ты корреляции обнаружены между ОМЧ и численностью *Salmonella* spp. ( $r = 0,969$ ), между численностью дрожжей и численностью *Staphylococcus epidermidis* ( $r = 0,864$ ), между численностью дрожжей и численностью *Enterococcus* spp. ( $r = 0,864$ ), а также между численностью *Staphylococcus epidermidis* и численностью *Enterococcus* spp. ( $r = 0,996$ ), анализ соответствующих точечных диаграмм показал, что во всех этих случаях речь идет о корреляции, обусловленной лишь одной выпадающей точкой (рис. 7).

Кластерный анализ показал, что по комплексу изученных микроорганизмов образцы кормов группируются следующим образом: зерносмесь и силос из ООО «ОПХ Солянское» образуют тесный кластер, к которому примыкает сенаж из ООО «ОПХ Солянское»; зерносмесь и пастбищная трава из УНПК «Борский» образуют отдельный кластер; кормосмесь из ООО «ОПХ Солянское» максимально отличается от остальных образцов. При этом разные способы кластеризации дают сходные результаты (рис. 8).

Результаты кластерного анализа подкрепляются проекцией образцов на главные компоненты (рис. 9).

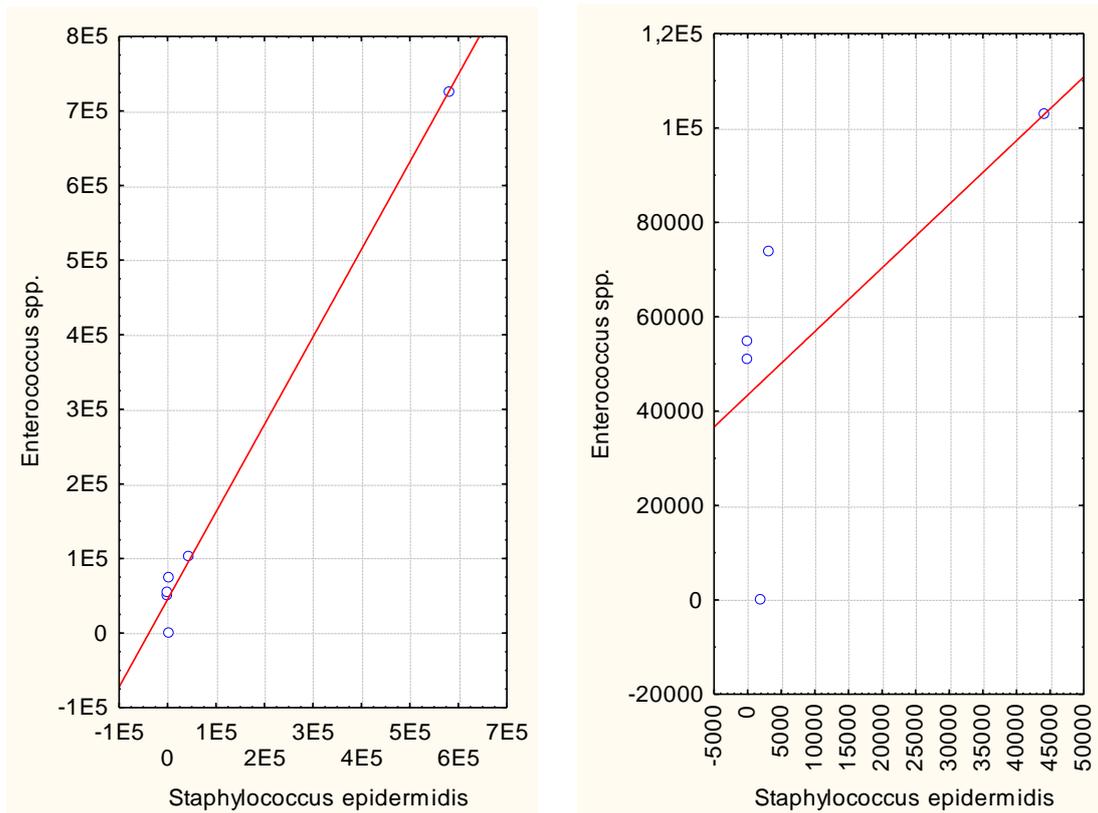


Рис. 7. Пример корреляции, обусловленной одной выпадающей точкой.

Каждая точка соответствует образцу корма. Выпадающая точка (левая диаграмма) – кормосмесь из ООО «ОПХ Соляное»; исключение этой точки из анализа (правая диаграмма) приводит к исчезновению статистически значимой корреляции ( $r = 0,685$ ,  $p > 0,05$ )

An example of a correlation due to a single outlier. Each point corresponds to a feed sample. The outlier (left diagram) is the feed mixture from Solyanskoye Farming Company; excluding this point from the analysis (right diagram) results in the disappearance of the statistically significant correlation ( $r = 0.685$ ,  $p > 0.05$ )

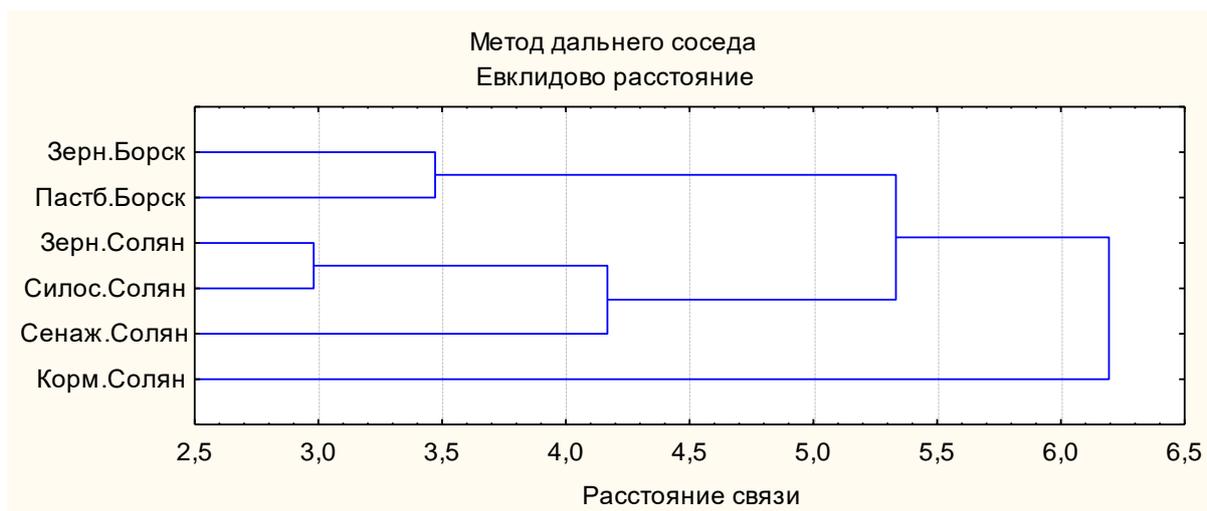
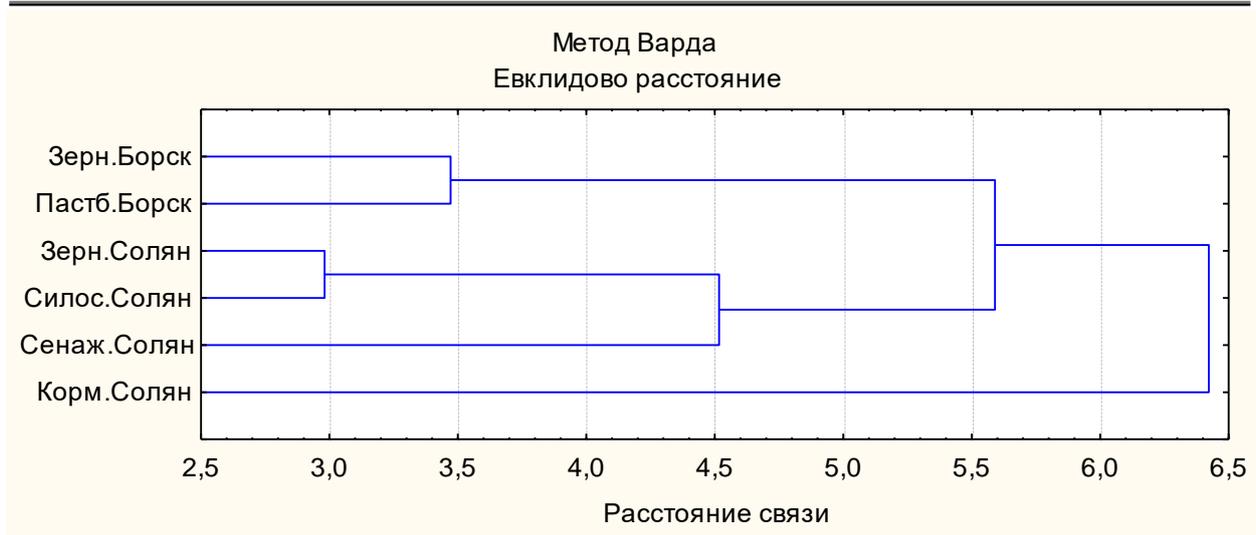


Рис. 8. Кластеризация образцов кормов по микробиологическому составу разными способами (в связи с высокими различиями численностей разных групп микроорганизмов перед кластеризацией проведена стандартизация данных)

Clustering of feed samples by microbiological composition using different methods (due to the high differences in the abundance of different groups of microorganisms, data standardization was performed before clustering)



Окончание рис. 8.

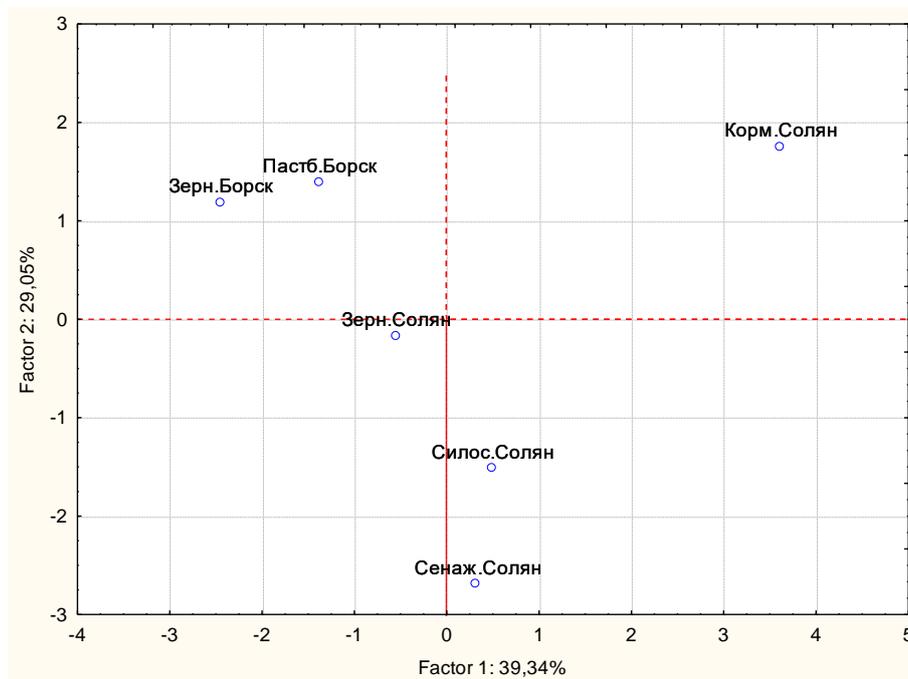


Рис. 9. Проекция образцов кормов по микробиологическому составу на первые две главные компоненты (сохранено 68,39 % информации о взаимном расположении образцов в пространстве изученных показателей)

*Projection of feed samples by microbiological composition onto the first two main components (68.39% of information on the relative position of samples in the space of the studied parameters was preserved)*

Для сравнения между собой образцы кормов были проранжированы по каждому из показателей численности нежелательной микрофлоры, к которой были отнесены ОМЧ, мицелиальные грибы, дрожжи, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Shigella sonnei*, *Salmonella* spp., *Escherichia coli*, БГКП и *Enterococcus* spp. Образец с минимальной численностью соответ-

ствующей группы микроорганизмов получал ранг 1, образец с максимальной численностью – ранг 6; в случае, если два или больше образцов имели одинаково низкую численность соответствующей группы микроорганизмов (0), они все получали ранг 1. В таблице 3 представлено распределение образцов по сумме рангов.

**Распределение образцов по сумме рангов,  
характеризующих обсемененность нежелательными микроорганизмами  
Distribution of samples by the sum of ranks characterizing  
contamination with unwanted microorganisms**

Корм	Производитель	Сумма рангов
Силос	ООО «ОПХ Соляное»	19
Зерносмесь	ООО «ОПХ Соляное»	21
Зерносмесь	УНПК «Борский»	25
Сенаж	ООО «ОПХ Соляное»	28
Кормосмесь	ООО «ОПХ Соляное»	29
Пастбищная трава	УНПК «Борский»	34

Как видно из представленных данных, минимальная суммарная обсемененность нежелательными микроорганизмами характерна для силоса производства ООО «ОПХ Соляное»; этот образец можно охарактеризовать как максимально чистый с микробиологической точки зрения среди всех изученных образцов. На втором месте по микробиологической чистоте находится зерносмесь производства ООО «ОПХ Соляное», на третьем – зерносмесь производства УНПК «Борский», на четвертом – сенаж производства ООО «ОПХ Соляное», на пятом – кормосмесь производства ООО «ОПХ Соляное», на шестом – пастбищная трава производства УНПК «Борский».

Следует отметить, что, несмотря на высокий уровень загрязнения четырех из шести образ-

цов кормов мицелиальными грибами, микотоксины не выявлены ни в одном из изученных образцов.

**Заключение.** Все изученные образцы кормов характеризуются очень высокой обсемененностью нежелательными микроорганизмами. Степень обсемененности конкретными группами микроорганизмов зависит главным образом не от производителя кормов, а от вида корма. Максимальная общая микробиологическая загрязненность характерна для пастбищной травы, минимальная – для силоса. Для решения проблемы микробного загрязнения рекомендуется термическая обработка кормов и/или исходного сырья, а также улучшение условий хранения кормов.

#### Список источников

1. Рядчиков В.Г. Основы питания и кормления сельскохозяйственных животных. СПб.: Лань, 2015. 640 с.
2. Гранкина А.С., Голякевич З.С. Бактериальная обсемененность кормов животного и растительного происхождения, используемых в животноводстве // Биотика. 2015. № 6. С. 29–35.
3. Соболева О.М., Колосова М.М., Филипович Л.А. Микробиологическая контаминация кормов и электрофизический метод ее снижения // Достижения науки и техники АПК. 2018. Т. 32, № 12. С. 50–52.
4. Торопыно А.В., Шевченко А.А. Органолептическое и микробиологическое исследование кормов растительного происхождения и воды на животноводческих фермах Ростовской области // Евразийский Союз Ученых. 2019. № 5-2. С. 20–28.
5. Белоусов В.И., Романенко Е.А., Базарбаев С.Б. Ветеринарно-санитарные требования к зерну, кормам и кормовым добавкам // Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. 2023. Т. 12, № 1. С. 53–59.
6. Патсаев М.М., Сидорова В.И., Январева Н.И., и др. Микробиологические исследования сырья и комбикормов для ценных видов рыб // Вестник Университета Шакарима. Серия «Технические науки». 2023. № 4. С. 11–21.
7. Ахмадышин Р.А., Канарский А.В., Канарская З.А. Микотоксины-контаминанты кормов // Вестник Казанского технологического университета. 2007. № 2. С. 88–103.
8. Соляник Т.В., Гласкович М.А. Микробиология. Микробиология кормов животного и растительного происхождения. Горки: БГСХА, 2014. 76 с.

9. Пименова М.Н., Гречушкина Н.Н., Азова Л.Г., и др. Руководство к практическим занятиям по микробиологии. М.: Изд-во Московского университета, 1983. 215 с.

### References

1. Ryadchikov VG. *Fundamentals of nutrition and feeding of farm animals*. SPb.: Lan: 2015. 640 p.
2. Grankina AS, Golyakevich ZS. Bacterial contamination of feed of animal and plant origin used in animal husbandry. *Biotika*. 2015;6:29-35.
3. Soboleva OM, Kolosova MM, Filipovich LA. Microbiological contamination of feed and electrophysical method for its reduction. *Achievements of science and technology of the agro-industrial complex*. 2018;32(12):50-52.
4. Toropyno AV, Shevchenko AA. Organoleptic and microbiological study of plant-based feed and water on livestock farms in the Rostov Region. *Eurasian Union of Scientists*. 2019;5-2:20-28.
5. Belousov VI, Romanenko EA, Bazarbaev SB. Veterinary and sanitary requirements for grain, feed and feed additives. *Collection of scientific papers of the Krasnodar Scientific Center for Animal Science and Veterinary Medicine*. 2023;12(1):53-59.
6. Patsaev MM, Sidorova VI, Yanvareva NI., et al. Microbiological studies of raw materials and compound feed for valuable fish species. *Bulletin of Shakarim University. Technical sciences series*. 2023;4:11-21.
7. Akhmadyshin RA, Kanarsky AV, Kanarskaya ZA. Mycotoxins-contaminants of feed. *Bulletin of Kazan Technological University*. 2007;2:88-103.
8. Solyanik TV, Glaskovich MA. *Microbiology. Microbiology of animal and plant feed*. Gorki: BGSNA; 2014. 76 p.
9. Pimenova MN, Grechushkina NN, Azova LG, et al. *Guide to practical classes in microbiology*. Moscow: Publishing house of Moscow University; 1983. 215 p.

Статья принята к публикации 13.11.2025 / The article accepted for publication 13.11.2025.

Информация об авторах:

**Сергей Витальевич Хижняк**, профессор кафедры экологии и природопользования, доктор биологических наук, профессор

**Софья Владимировна Овсянкина**, заведующая лабораторией сельскохозяйственной и экологической биотехнологии, кандидат биологических наук

**Полина Александровна Аболенцева**, научный сотрудник лаборатории сельского хозяйства и экологической биотехнологии

**Оксана Александровна Коленчукова**, заведующая кафедрой эпизоотологии, микробиологии, паразитологии и ветеринарно-санитарной экспертизы, доктор биологических наук, профессор

**Александра Николаевна Ступина**, студентка

Information about the authors:

**Sergey Vitalyevich Khizhnyak**, Professor, Department of Ecology and Nature Management, Doctor of Biological Sciences, Professor

**Sofya Vladimirovna Ovsyankina**, Head of the Laboratory of Agricultural and Environmental Biotechnology, Candidate of Biological Sciences

**Polina Aleksandrovna Abolentseva**, Researcher, Laboratory of Agriculture and Environmental Biotechnology

**Oksana Aleksandrovna Kolenchukova**, Head of the Department of Epizootology, Microbiology, Parasitology, and Veterinary-Sanitary Expertise, Doctor of Biological Sciences, Professor

**Alexandra Nikolaevna Stupina**, Student