

<https://doi.org/10.36107/hfb.2025.i4.s302>

Микобиота производственной среды молокоперерабатывающих предприятий: сравнительный анализ структуры и распространенности

А. А. Махова, Ю. К. Юшина, Е. В. Зайко, М. А. Грудистова,
В. К. Дерюгин, О. А. Стаханова

Федеральный научный центр пищевых
систем им. В.М. Горбатова РАН, Москва,
Россия

Корреспонденция:

Юшина Юлия Константиновна,
Федеральный научный центр пищевых
систем им. В.М. Горбатова РАН,
109316, ул. Талалихина, 26
E-mail: yu.yushina@fncps.ru

Конфликт интересов:

авторы заявляют об отсутствии
конфликта интересов.

Поступила: 01.10.2025

Поступила после

рецензирования: 11.12.2025

Принята: 26.12.2025

Copyright: © 2025 Авторы

АННОТАЦИЯ

Введение. Микробная контаминация плесневыми грибами остается серьезной проблемой для молочной отрасли. Традиционные дезинфектанты часто неэффективны против устойчивых форм, что требует разработки новых подходов к контролю на основе понимания структуры резидентной микобиоты конкретных производств.

Цель работы — сравнительный анализ состава, частоты встречаемости и пространственного распределения микобиоты в воздухе и на поверхностях оборудования трех молокоперерабатывающих предприятий.

Материалы и методы. Исследование проведено на трех предприятиях. Отбор проб воздуха (200 л) осуществляли аспирационным методом с осаждением на агар Сабуро. Смывы с поверхностей отбирали с площади 100 см². Видовую идентификацию грибов и дрожжей проводили методом масс-спектрометрии MALDI-TOF.

Результаты. Установлено, что ядро резидентной микобиоты во всех средах формируют три вида: *Penicillium gladioli* (21,3% в воздухе и 33,3% в смывах), *Penicillium polonicum* (18,0% и 16,7%) и *Cladosporium pseudocladosporioides* (16,4% и 22,2%). Вид *P. polonicum* обнаружен на всех предприятиях. Параллельно выявлены уникальные профили, отражающие специфику каждого производства: на сыродельном заводе идентифицированы *Geotrichum candidum* и почвенный патоген *Thanatephorus cucumeris*; на предприятии с широким ассортиментом зафиксировано максимальное разнообразие пенициллов, а также присутствие *Aspergillus wentii* и *Botrytis cinerea*. Обнаружены скрытые очаги контаминации: *Penicillium chrysogenum* и *P. rubens* выявлялись только в смывах при отрицательных результатах анализа воздуха. Значительную долю (11,5%) составили микроорганизмы, не идентифицированные стандартной базой данных MALDI-TOF.

Выводы. Микробная экосистема производственной среды представляет собой комплекс из универсального ядра высокоадаптированных контаминантов и уникального набора видов, детерминированных технологическими процессами. Полученные данные доказывают необходимость перехода от универсальных протоколов к разработке персонализированных программ микробиологического контроля, основанных на анализе резидентной микобиоты конкретного предприятия.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА

молокоперерабатывающие предприятия, воздушная среда, микобиота, плесневые грибы, MALDI-TOF масс-спектрометрия, микробная контаминация

Для цитирования: Махова, А.А., Юшина, Ю.К., Зайко, Е.В., Грудистова, М.А., Дерюгин, В.К., & Стаханова О.А. (2025). Микобиота производственной среды молокоперерабатывающих предприятий: сравнительный анализ структуры и распространенности. *Health, Food & Biotechnology*, 7(4), 25-36. <https://doi.org/10.36107/hfb.2025.i4.s302>



<https://doi.org/10.36107/hfb.2025.i4.s302>

Mycobiota of the Production Environment of Dairy Processing Enterprises: Comparative Analysis of Structure and Prevalence

Anzhelika A. Makhova, Yulia K. Yushina, Elena V. Zaiko,
Maria A. Grudistova, Vyacheslav K. Deryugin, Olesya A. Stakhanova

Gorbatov Research Center for Food
Systems, Moscow, Russia

Correspondence:

Yulia K. Yushina,
Gorbatov Research Center for Food
Systems, 26, Talalikhina St., Moscow,
109316, Russia
E-mail: yu.yushina@fncps.ru

Declaration of competing interest:
none declared.

Received: 01.10.2025

Received in revised form: 11.12.2025

Accepted: 26.12.2025

Copyright: © 2025 The Authors

ABSTRACT

Introduction. Microbial contamination, in particular by mould fungi capable of producing mycotoxins, remains a serious problem for the dairy industry. Traditional disinfection agents are often ineffective against resistant forms of fungi, which actualizes the task of developing new approaches to control based on a deep understanding of the structure of the resident mycobiota of specific productions.

The purpose of this article is to conduct a comparative analysis of the qualitative composition, frequency of occurrence, and spatial distribution of mycobiota in the air and on the surfaces of technological equipment at three different dairy processing plants.

Materials and Methods. The study was conducted at three enterprises. Air samples of 200 L were collected by aspiration with sedimentation on Saburo agar. Surface swabs were collected with sterile sponges and swabs from an area of 100 cm². Species identification of isolated isolates of mold fungi and yeast was carried out by MALDI-TOF mass spectrometry (Autof MS 1000) with a threshold of confidence ≥ 9.0 for the species level

Results. As a result of monitoring, a detailed picture of microbial contamination was formed. It was established that the core of the resident mycobiota in all studied environments is formed by three species: *Penicillium gladioli* (detection frequency of 21.3% in the air and 33.3% in swabs), *Penicillium polonicum* (18.0% and 16.7%, respectively), and *Cladosporium pseudocladosporioides* (16.4% and 22.2%). The *P. polonicum* species was found in all three enterprises. In parallel, unique microbial profiles were identified, reflecting the specifics of each production facility: *Geotrichum candidum* and the soil pathogen *Thanatephorus cucumeris* were identified at the cheese-making facility; the facility with a wide product range recorded the highest diversity of *Penicillium* species, as well as the presence of *Aspergillus wentii* and *Botrytis cinerea*. An important result is the detection of hidden contamination sites, where *Penicillium chrysogenum* and *P. rubens* were only found in swabs with negative air analysis results. A significant proportion (11.5%) consisted of microorganisms not identified by the standard MALDI-TOF database.

Conclusions. The study demonstrates that the microbial ecosystem of the production environment is a complex of a universal core of highly adapted contaminants and a unique set of species determined by technological processes and external sources of contamination. The data obtained prove the critical need to move from universal protocols to the development of personalized programs of microbiological control and monitoring based on a deep analysis of the resident mycobiota of a particular enterprise.

KEYWORDS

dairy processing plants, air environment, mycobiota, mould fungi, MALDI-TOF mass spectrometry, microbial contamination



To cite: Makhova, A.A., Yushina, Yu.K., Zaiko, E.V., Grudistova, M.A., Deryugin, V.K., & Stakhanova, O.A. (2025). Mycobiota of the production environment of dairy processing enterprises: Comparative analysis of structure and prevalence. *Health, Food & Biotechnology*, 7(4), 25-36. <https://doi.org/10.36107/hfb.2025.i4.s302>

ВВЕДЕНИЕ

Микробная контаминация пищевой продукции, в частности контаминация молока и молочных продуктов микотоксинами, остается одной из наиболее значимых проблем современной пищевой промышленности. Особую актуальность данная проблема приобретает в молочной отрасли, где плесневые грибы, развивающиеся как на самом сырье, так и на поверхностях технологического оборудования, способны продуцировать высокотоксичные вторичные метаболиты (Garnier et al, 2017). Наиболее опасными и хорошо изученными микотоксинами, ассоциированными с молочной продукцией, являются афлатоксин М1 (AFM1) и охратоксин А (ОТА). Афлатоксин М1, являясь гидроксилированным метаболитом афлатоксина В1, попадает в молоко преимущественно по механизму переноса (carry-over) из контаминированных кормов, потребляемых крупным рогатым скотом. Коэффициент такого переноса, по данным исследований, может варьировать от 1 до 6 %, что обуславливает прямую зависимость между уровнем загрязнения кормов и молока. Прямое обсеменение продукции токсигенными плесеньями родов *Aspergillus* и *Penicillium* на этапах хранения, транспортировки или переработки также представляет серьезную угрозу, поскольку некоторые микотоксины, такие как охратоксин А, демонстрируют высокую устойчивость к технологическим процессам, включая пастеризацию (Garnier et al, 2017).

Традиционные дезинфицирующие средства на основе четвертичных аммониевых соединений, хлора и перекисных соединений не всегда обеспечивают достаточ-

ную эффективность против устойчивых форм микроскопических грибов (Bernardi et al, 2019). Кроме того, остаточные количества этих соединений могут мигрировать в пищевую продукцию, создавая потенциальные риски для потребителей. В связи с этим актуальной задачей является разработка новых эффективных и безопасных дезинфицирующих средств для применения на пищевых производствах (Martin et al, 2021).

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объектами исследований явились образцы воздуха и смывы с различных поверхностей объектов производственной среды, отобранные на трех молокоперерабатывающих предприятиях (Таблицы 1–3).

Методика исследования

Отбор проб воздуха с объектов производственной среды

Отбор проб воздуха осуществляли с применением аспирационного пробоотборника Airwel (Alliance bio expertise, Франция). Объем проб воздуха составлял 200 л. Пробы воздуха определенного объема осаждали на агар Сабуро с хлорамфениколом (Oxoid, Великобритания). Полученные образцы инкубировали в термостате Binder (Binder, Германия) при 30 °С в течение 5 суток. Изолированные колонии идентифицировали с применением масс-спектрометра MALDI-TOF Autof ms1000 (Autobio, Китай).

Таблица 1
Идентификация точек отбора образцов с объектов производственной среды на Предприятии 1
Table 1
Identification of Sampling Points within the Production Environment of Enterprise 1

№ образца	Место отбора проб воздуха	№ образца	Место отбора проб смывов
22	Воздух в зоне формовочного стола №1	33	Формовочный стол №1
23	Воздух в зоне формовочного стола №2	34	Формовочный стол №2
24	Воздух в зоне титаника №1	35	Титаник №1
25	Воздух над транспортной лентой	36	Транспортер выход
26	Воздух в зоне трапа №1	37	Трап №1
27	Воздух в зоне трапа №2	38	Трап №2
28	Воздух в зоне формовочного стола №3	39	Формовочный стол №3
30	Воздух в зоне формовочного стола №4	41	Формовочный стол №4
29	Воздух в зоне термоблока, стол №1	40	Термоблок, стол №1
32	Воздух в зоне термоблока, стол №2	43	Термоблок, стол №2
31	Воздух в рабочей зоне ванны №1	42	Борт ванны №1

Таблица 2
Идентификация точек отбора образцов с объектов производственной среды на Предприятии 2
Table 2
Identification of Sampling Points within the Production Environment of Enterprise 2

№ образца	Место отбора проб воздуха	№ образца	Место отбора проб смывов
44	Воздух в зоне сыродельного цеха	44/1	Сыродельный цех (ванны)
45	Воздух в зоне колбасный участок (упаковка)	45/1	Колбасный участок (упаковка)
46	Воздух в зоне цеха по уходу за сырами (упаковка)	46/1	Цех по уходу за сырами (упаковка)
47	Воздух в зоне солильного отделения	47/1	Солильное отделение
48	«Теплая» камера созревания для сыра	48/1	«Теплая» камера созревания для сыра с пропионовокислыми бактериями
49	Воздух в камере обсушки сыра	49/1	Камера обсушки сыра
50	Воздух в камере созревания №1	50/1	Камера созревания №1
51	Воздух в камере созревания №2	51/1	Камера созревания №2
52	Воздух участка упаковки сыров	52/1	Участок упаковки сыров
53	Воздух в зоне ванны сыродельного цеха	53/1	Ванна (сыродельный цех)
54	Воздух в зоне трапа при переходе к участку формовки (сыродельный цех)	54/1	Трап при переходе к участку формовки (сыродельный цех)
55	Воздух в зоне пресса (сыродельный цех)	55/1	Пресса сыродельного цеха

Таблица 3
Идентификация точек отбора образцов с объектов производственной среды на Предприятии 3
Table 3
Identification of Sampling Points within the Production Environment of Enterprise 3

№ образца	Место отбора проб воздуха	№ образца	Место отбора проб смывов
56	Воздух на участке упаковки в гофроящички	56/1	Участок упаковки в гофроящички
57	Воздух на участке жиротопки	57/1	Участок жиротопки
58	Воздух производственного участка №1	58/1	Производственный участок №1
59	Воздух производственного участка №2	59/1	Производственный участок №2
60	Воздух производственного участка №3	60/1	Производственный участок №3
61	Воздух в холодильнике	61/1	Холодильник
62	Воздух на участке приемки молока	62/1	Участок приемки молока
63	Воздух на аппаратном участке №1	63/1	Аппаратный участок №1
64	Воздух на участке фасовки сыворотки №1	64/1	Участок фасовки сыворотки №1
65	Воздух на участке фасовки сыворотки №2	65/1	Участок фасовки сыворотки №2
66	Воздух на участке фасовки в мешки	66/1	Участок фасовки в мешки
67	Воздух на участке сушки	67/1	Участок сушки
68	Воздух на складе №1	68/1	Склад №1
69	Воздух на складе №2	69/1	Склад №2
70	Воздух производственного участка №4	70/1	Производственный участок №4
71	Воздух производственного участка №5	71/1	Производственный участок №5
72	Воздух производственного участка №6 (Конусы)	72/1	Производственный участок №6 (Конусы)
73	Воздух на аппаратном участке №2	73/1	Аппаратный участок №2

Отбор смывов с объектов производственной среды

Смывы с объектов производственной среды на предприятиях отбирали с помощью губки с нейтрализатором (3M Hydra-Sponge, США) со 100 см², а с труднодоступных мест — свабами (стерильными ватными тампонами) с летиновым бульоном (3M™ Swab-Sampler, США) (Юшина, 2022). Из полученных образцов делали ряд десятикратных разведений и проводили посев шпателем на поверхность среды Сабуро с хлорамфениколом (Oxoid, Великобритания). Полученные образцы инкубировали в термостате Binder (Binder, Германия) при 30 °C в течение 5 суток. После культивирования с чашек Петри отбирали колонии с различной морфологией и проводили идентификацию с помощью масс-спектрометрического анализа на приборе MALDI-TOF Autof ms1000 (Autobio, Китай).

Идентификация плесневых грибов

Видовую идентификацию выделенных колоний проводили на приборе MALDI-Tof-MS с помощью масс-спектрометра *Autof MS 1000* (*Autobio Diagnostics*, Китай). Для этого штаммы плесневых грибов переносили на PCA агар (Оболensk, Россия) и культивировали при 25 °C в течение 5 суток (Юшина и др., 2025). По истечении времени ингибирования биомассу с выросших едтничных клеток плесневых грибов вносили в центрифужные микропробирки с 1 см³ 75 % этанола, перемешивали пипетированием в течение 1 мин. Затем центрифугировали 2 мин при 13000 об/мин на центрифуге MiniSpin (Eppendorf, Германия), аккуратно удаляли супернатант. Повторяли центрифугирование и полностью удаляли надосадочную жидкость. Высушивали исследуемый образец в течение 5 мин при 37 °C в термостате (Binder, Германия). Добавляли 30 мкл «лизата 1» из набора «Набор реагентов для предварительной обработки образцов и последующего проведения анализа методом MALDI-TOF на масс-спектрометре» (MSA01, *Autobio Diagnostics Co., Ltd.*, Китай) и оставляли на 10 мин при комнатной температуре. По истечении времени отбирали 1,2 мкл супернатанта, переносили на пластину для образцов (*Autobio Diagnostics Co., Ltd.*, Китай) и высушивали при комнатной температуре. Затем сверху на образец наносили 1,2 мкл матрицы HCCA (α-циано-4-гидроксикоричная кислота, 99 %) из набора «Набор реагентов для предварительной обработки образцов и последующего проведения анализа методом MALDI-TOF на масс-спектрометре» (MSA01, *Autobio Diagnostics Co., Ltd.*, Китай) и опять подсушивали. Платину с образцами помещали в прибор и, используя программу *FlexControl* (получение спектров), запускали оборудование для идентификации микроорганизмов. Полученные результаты анализировали с помощью программного обеспечения: в случае, если значение были ниже 6.0 — результат считался ненадежным и не исполь-

зовался в дальнейшей работе. Результат считался надежным и учитывался при значениях 6.0–9.0 — на уровне рода, 9.0–9.5 — на уровне вида.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Оценка распространенности плесневых грибов на молокоперерабатывающих предприятиях

Проведенный сравнительный микробиологический мониторинг распространения плесневых грибов в воздушной среде и поверхностях производственной среды на трех молокоперерабатывающих предприятиях выявил качественный состав и пространственно-технологическую специфичность распределения контаминирующей микобиоты. Результаты, систематизированные в Таблицах 4, 5 и 6, демонстрируют формирование сложных сообществ микроскопических грибов, структура которых детерминирована как общими закономерностями для подобных производств, так и индивидуальными особенностями каждого предприятия. Сравнительный анализ проб воздуха и смывов позволил выявить зоны персистенции микромицетов на оборудовании и оценить потенциальные пути их аэрозольного распространения.

Мониторинг на предприятии 1 (Таблица 4) показал, что доминирующими таксонами в воздухе выступили представители родов *Cladosporium* и *Penicillium*. Вид *Cladosporium cladosporioides* был обнаружен в воздухе над ключевыми объектами: формовочными столами (№1, №4), транспортной лентой и в зоне трапа №1, что подтверждает его статус универсального компонента аэриобиоты промышленных помещений. При этом, в смывах с этих же поверхностей данный вид отсутствовал, что может указывать на его преимущественно экзогенное (воздушное) происхождение и низкую адгезию к данным типам поверхностей. В отличие от этого, виды рода *Penicillium* (*P. gladioli*, *P. polonicum*, *P. rubens*, *P. chrysogenum*) были выявлены как в воздухе, так и в смывах, демонстрируя способность к колонизации поверхностей. Например, *P. gladioli* был обнаружен одновременно в воздухе и смывах в зоне трапа №1 и формовочного стола №4, а *P. rubens* и *P. chrysogenum* — только в смывах (формовочный стол №1 и термоблок, соответственно). Это характеризует данные зоны на предприятии 1 как участки устойчивой контаминации, где поверхности выступают резервуаром и потенциальным источником вторичного аэрозольного загрязнения. Особого внимания заслуживает комплексная контаминация в зоне трапа №1, где в воздухе выявлены *C. cladosporioides* и *Trichoderma asperelloides*, а на поверхности — *P. gladioli*. Отсутствие обнаруживаемых плесневых грибов в воздухе над термоблоками может быть связано с локальным действием повышенных

Таблица 4
Сравнительный анализ микобиоты воздуха и смывов с объектов производственной среды на Предприятии 1
Table 4
Comparative Analysis of Air and Surface Mycobiota in the Production Environment of Enterprise 1

№ образца	Место отбора образца	Воздух	Смыв
22	Формовочный стол №1	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	<i>Penicillium rubens</i>
23	Формовочный стол №2	<i>Cryptococcus magnus</i>	<i>Rhodotorula graminis</i>
24	Титаник №1	<i>Rhodotorula graminis</i>	Не обнаружено
25	Транспортер выход	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	Не обнаружено
26	Трап №1	<i>Cladosporium cladosporioides</i> <i>Trichoderma asperelloides</i>	<i>Penicillium gladioli</i>
27	Трап №2	<i>Penicillium gladioli</i>	<i>Debaryomyces spp</i>
28	Формовочный стол №3	Не обнаружено	Не обнаружено
30	Формовочный стол №4	<i>Cladosporium cladosporioides</i> <i>Penicillium gladioli</i>	<i>Penicillium gladioli</i> Не обнаружено
29	Термоблок, стол №1	Не обнаружено	<i>Penicillium chryseogen</i>
32	Термоблок, стол №2	Не обнаружено	Не обнаружено
31	Борт ванны №1	<i>Penicillium polonicum</i>	Не обнаружено

Таблица 5
Сравнительный анализ микобиоты воздуха и смывов с объектов производственной среды на Предприятии 2
Table 5
Comparative Analysis of Air and Surface Mycobiota in the Production Environment of Enterprise 2

№ образца	Место отбора образца	Воздух	Смывы
44	Сыродельный цех (ванны)	<i>Geotrichum candidum</i>	Не обнаружено
45	Колбасный участок (упаковка)	<i>Penicillium rugulosum</i>	Не обнаружено
46	Цех по уходу за сырами (упаковка)	<i>Penicillium italicum</i>	<i>Penicillium rugulosum</i>
47	Солильное отделение	<i>Cladosporium cladosporioides</i>	Не обнаружено
48	«Теплая» камера созревания для сыра с пропионовокислыми бактериями	<i>Cladosporium pseudochalastosporoides</i>	Не обнаружено
49	Камера обсушки сыра	Не обнаружено	Не обнаружено
50	Камера созревания №1	Не обнаружено	Не обнаружено
51	Камера созревания №2	<i>Cladosporium pseudochalastosporoides</i> <i>Thanatephorus cucumeris</i>	Не обнаружено
52	Участок упаковки сыров	<i>Penicillium polonicum</i>	Не обнаружено

температур, однако обнаружение *P. chrysogenum* в смыве с одного из них указывает на возможную выживаемость спор на поверхностях даже в таких зонах.

Анализ микобиоты на предприятии 2 (Таблица 5), характеризуется присутствием в воздухе видов, ассоциированных со специфическими этапами производства. Показательно обнаружение в воздухе сыродельного цеха (ванны) вида *Geotrichum candidum*. В воздухе солильного отделения и камер созревания доминировали представители рода *Cladosporium* (*C. cladosporioides* и *C. pseudochalastosporoides*). Данные смывов с поверхностей на этом предприятии оказались менее показате-

льными: плесневые грибы были обнаружены только в одной пробе (цех упаковки), где *Penicillium rugulosum* был идентифицирован на поверхности, в то время как в воздухе этой же зоны присутствовал *P. italicum*. Это может свидетельствовать об относительно эффективных санитарных процедурах или о преимущественно воздушном пути распространения контаминации. Однако обнаружение в воздухе камеры созревания №2 типичного почвенного патогена *Thanatephorus cucumeris* указывает на экзогенный источник заноса, а выявление *Penicillium polonicum* в воздухе на участке упаковки создает прямой риск постпроизводственной контаминации готовой продукции.

Таблица 6

Сравнительный анализ микобиоты воздуха и смывов с объектов производственной среды на Предприятии 3

Table 6

Comparative Analysis of Air and Surface Mycobiota in the Production Environment of Enterprise 3

№ образца	Место отбора образца	Воздух	Смывы
56	Участок упаковки в гофроящики	<i>Penicillium polonicum</i> <i>Penicillium verrucosum</i> <i>Penicillium gladioli</i>	Не обнаружено
57	Участок жиротопки	<i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium camamberti</i> Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	Не обнаружено
58	Производственный участок №1	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium camamberti</i>	Не обнаружено
59	Производственный участок №2	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i>
60	Производственный участок №3	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium polonicum</i>	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i>
61	Холодильник	<i>Penicillium gladioli</i>	Не обнаружено
62	Участок приемки молока	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium polonicum</i>	<i>Penicillium gladioli</i>
63	Аппаратный участок №1	Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	Не обнаружено
64	Участок фасовки сыворотки №1	<i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium polonicum</i>	Не обнаружено
65	Участок фасовки сыворотки №2	<i>Penicillium polonicum</i> <i>Penicillium gladioli</i>	<i>Penicillium gladioli</i>
66	Участок фасовки в мешки	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium polonicum</i> Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Penicillium polonicum</i>
67	Участок сушки	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium polonicum</i>	<i>Penicillium gladioli</i>
68	Склад №1	<i>Penicillium gladioli</i> <i>Penicillium polonicum</i> Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	Не обнаружено
69	Склад №2	<i>Penicillium polonicum</i> <i>Penicillium rugulosum</i> <i>Penicillium camamberti</i> <i>Penicillium aurantiogriseum</i>	<i>Penicillium camamberti</i>
70	Производственный участок №4	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Aspergillus wentii</i>	Не обнаружено
71	Производственный участок №5	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> <i>Botrytis cinerea</i>	Не обнаружено
72	Производственный участок №6 (Конусы)	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i>
73	Аппаратный участок №2	<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> Микроорганизм, отсутствующий в базе данных	Не обнаружено

На предприятии 3 (Таблица 6) выявлена наиболее масштабная и комплексная картина контаминации, связанная с большей выборкой образцов. В воздухе абсолютно доминировали представители рода *Penicillium* (*P. polonicum*, *P. gladioli*, *P. verrucosum*, *P. Camemberti* и др.), обнаруживаемые на всех этапах – от приемки молока до упаковки и склада. Вид *P. polonicum* был идентифицирован в воздухе 9 из 18 позитивных проб, а *Cladosporium pseudocladosporioides* – в воздухе 10 различных зон. Критически важным является частое совпадение таксономического состава в пробах воздуха и смывов, что свидетельствует о формировании устойчивых очагов контаминации на поверхностях оборудования. Например, *C. pseudocladosporioides* и *P. gladioli* неоднократно обнаруживались параллельно в воздухе и на поверхностях (участки №2, №3, приемки молока, фасовки в мешки). На участке фасовки сыворотки №2 и сушки *P. gladioli* был найден в обоих типах проб, а на складе №2 *P. camemberti* – в смыве при его наличии в воздухе. Это указывает на то, что поверхности являются постоянным резервуаром для этих видов, способствуя их циркуляции в воздухе. Особую озабоченность вызывает обнаружение в воздухе (без обнаружения в смывах на данных участках) видов с выраженным токсигенным потенциалом – *Aspergillus wentii* и *Botrytis cinerea*, а также высокая частота встречаемости неидентифицированных микроорганизмов, требующих применения методов метагеномного анализа.

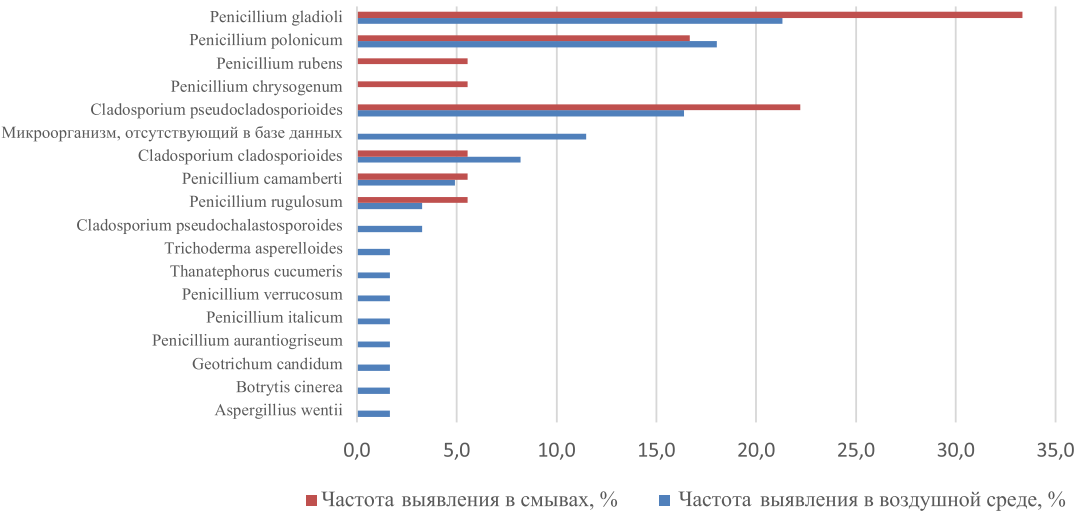
Анализ частоты встречаемости плесневых грибов на молокоперерабатывающих предприятиях

Анализ частоты встречаемости плесневых грибов в производственной среде молокоперерабатывающих предприятий выявил иерархическую структуру и значительные различия в распространенности различных таксонов микроскопических грибов. Результаты представлены на Рисунке 1.

Доминирующим микроорганизмом в обеих исследуемых производственных средах был вид *Penicillium gladioli*, демонстрирующий максимальные значения частоты выявления как в пробах воздуха (21,3 %), так и в смывах с поверхностей (33,3 %). Совместно с видами *Penicillium polonicum* (18,0 % в воздухе, 16,7 % в смывах) и *Cladosporium pseudocladosporioides* (16,4 % в воздухе, 22,2 % в смывах) они формируют устойчивое ядро резидентной микобиоты, совокупная доля которой в пробах с поверхностей достигает 72,2 %. Высокая распространённость *P. polonicum* на всех предприятиях подтверждает его статус тотального контаминанта отрасли, в то время как выраженное преобладание *C. pseudocladosporioides* именно в смывах указывает на его повышенную адгезивную способность.

Сравнительный анализ выявил существенные различия в составе и происхождении контаминантов двух производственных сред. Микробное сообщество поверхностей характеризуется меньшим таксономическим разнообразием и высокой концентрацией вокруг

Рисунок 1
Частота выявления различных видов грибов, циркулирующих на молокоперерабатывающих предприятиях
Figure 1
Frequency of Detection of Various Fungal Species Circulating in Dairy Processing Plants



ограниченного числа адаптированных видов. Критически важным диагностическим признаком стало обнаружение в смывах специфических видов (*Penicillium chrysogenum*, *Penicillium rubens*), отсутствовавших в параллельных пробах воздуха. Данный факт однозначно свидетельствует о наличии скрытых, локализованных очагов персистирующей контаминации, не выявляемых при рутинном мониторинге воздушной среды. В противоположность этому, целый ряд таксонов, включая *Geotrichum candidum*, *Aspergillus wentii*, *Botrytis cinerea*, *Thanatephorus cucumeris*, а также все неидентифицированные с помощью метода MALDI-TOF микроорганизмы (11,5 % находок в воздухе), были обнаружены исключительно в воздушной среде. Их аллохтонное (внешнее) происхождение связано с каналами экзогенного заноса: притоком наружного воздуха, перемещением персонала, поступлением сырья или упаковочных материалов. Присутствие фитопатогенных видов (*B. cinerea*, *T. cucumeris*) служит прямым маркером контаминации, связанной с растительным сырьем.

Значительную часть сообщества, 11,5 %, составили микроорганизмы, не идентифицированные стандартными методами, что подчеркивает ограниченность существующих таксономических баз. Не идентифицированные микроорганизмы могут представлять неизвестные риски, так как их идентификация невозможна в связи с ограниченностью баз данных MALDI-TOF. Они могут включать потенциально опасные виды, которые еще не были описаны.

Параллельно с выявлением общих закономерностей, анализ позволил зафиксировать уникальные микробные профили каждого предприятия, что имеет критическое значение для оценки специфических рисков. На Предприятии 2, специализирующемся на сыроделии, был обнаружен вид *Geotrichum candidum*, что отражает его технологическую связь с процессами созревания и одновременно указывает на потенциальный риск неконтролируемой контаминации. Там же выявление почвенного патогена *Thanatephorus cucumeris* в камере созревания однозначно свидетельствует об экзогенном канале заноса, не выявляемом при анализе лишь общей микрофлоры. На Предприятии 3 была отмечена наибольшая частота встречаемости неидентифицированных изолятов, а также обнаружены нетипичные для молочных производств виды с токсигенным потенциалом (*Aspergillus wentii*, *Botrytis cinerea*), что может сигнализировать о наличии уникальных, слабо изученных экологических ниш или источников загрязнения.

Таким образом, минимальные частоты выявления (от 1,7 % до 3,3 %) характерны для обширной группы из одиннадцати видов, включая *Penicillium rugulosum* (3,3 %), а также различные виды родов *Penicillium*, *Aspergillus*, *Botrytis*, *Trichoderma*, *Thanatephorus* и дрож-

жевые грибы. Оценка уникальной микрофлоры каждого предприятия является фундаментом для разработки персонализированных и экономически эффективных программ микробиологического контроля. В то время как универсальные санитарные протоколы направлены на подавление общих доминантов (например, *Penicillium gladioli*), именно специфические «сигнальные» виды позволяют выявить и нейтрализовать скрытые, локальные источники риска.

ОБСУЖДЕНИЕ ПОЛУЧЕННЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ

Результаты проведенного микологического мониторинга на трех молокоперерабатывающих предприятиях выявили сложную и структурированную экосистему микроскопических грибов, контаминирующих воздушную среду и поверхности технологического оборудования. Полученные данные позволяют не только констатировать факт наличия контаминации, но и проанализировать формирование резидентной микобиоты, оценить специфические профили рисков для каждого производства и критически осмыслить применяемые подходы к контролю в контексте современных научных представлений о пищевой безопасности.

Абсолютное доминирование видов *Penicillium gladioli*, *P. polonicum* и *Cladosporium pseudocladosporioides*, совокупно составляющих более 72 % находок в смывах, свидетельствует не о случайном заносе, а о формировании устойчивого сообщества адаптированных микроорганизмов. Эта концентрированная структура является прямым следствием селективного давления условий пищевого производства (пониженные температуры, высокая влажность, наличие органических субстратов). Особую значимость имеет тотальная распространенность *P. polonicum* на всех предприятиях. Данный вид, как и многие представители рода *Penicillium*, обладает подтвержденным токсигенным потенциалом. В частности, он способен к продукции охратоксина А — микотоксина с выраженными нефротоксическими и потенциально канцерогенными свойствами, накопление которого в молочных продуктах (особенно в сырах) вызывает серьезную озабоченность регуляторных органов (Brooks et al, 2012). Таким образом, выявленное ядро микобиоты трансформирует риск микробной порчи в потенциальную химическую опасность, требующую не только микробиологического, но и токсикологического мониторинга.

Согласно литературным источникам, основными видами, вызывающими порчу молочных продуктов, являются *Candida*, *Galactomyces* и *Yarrowia*, а также *Penicillium*, *Mucor* и *Cladosporium* для дрожжей и плесневых грибов соответственно (Brooks et al, 2012).

Параллельно с общими закономерностями, исследование четко зафиксировало уникальные микробные сообщества, характерные для каждого предприятия, что служит диагностической основой для целевых корректирующих действий. На Предприятии 1 комплексная контаминация зон трапов, сочетающая дрожжи (*Cryptococcus*, *Rhodotorula*) и целлюлозолитические грибы (*Trichoderma*), указывает на локальные проблемы с гигиеной и возможным состоянием упаковочных материалов. Критичным здесь является обнаружение *P. chrysogenum* исключительно в смыве с поверхности термоблока при отрицательном результате анализа воздуха. Это классический пример скрытого резидентного очага, формирующего биопленку и не выявляемого при рутинном мониторинге воздуха, что подчеркивает необходимость комплексного отбора проб. На Предприятии 2 микробный профиль отражает технологическую специфику. Присутствие *Geotrichum candidum* в воздухе логично, однако его неконтролируемая циркуляция, наряду с обнаружением почвенного фитопатогена *Thanatephorus cucumeris* в камере созревания, является четким маркером экзогенных каналов заноса через системы вентиляции или с сырьем. Наиболее тревожный профиль выявлен на Предприятии 3, для которого характерны максимальное видовое разнообразие, устойчивые циклы «поверхность-воздух-поверхность» для *C. pseudocladosporioides* и *P. gladioli*, а также наличие нетипичных токсигенных видов (*Aspergillus wentii*). Эта картина свидетельствует о системном характере проблем, вероятно, связанных с неэффективностью общезаводских санитарных программ и множественными источниками загрязнения. Эти данные подчеркивают необходимость разработки персонализированных протоколов контроля для каждого участка производства, что ранее предлагалось в работах Ropars et al. (2012).

Высокая доля неидентифицированных видов (12,7%) подчеркивает ограничения современных методов анализа. MALDI-TOF масс-спектрометрия, несмотря на свою эффективность для рутинной диагностики, зависит от полноты баз данных. Для решения этой проблемы целесообразно комбинировать MALDI-TOF с секвенированием ITS-регионов или генов 18S рПНК, что позволяет определить филогенетическое положение даже новых видов. В контексте пищевой безопасности такие «неизвестные» микроорганизмы требуют особого внимания, так как они могут продуцировать нетипичные метаболиты или обладать повышенной вирулентностью. Неидентифицированные микроорганизмы указывают на наличие редких или мутировавших штаммов, а также сильное загрязнение из нехарактерных источников.

Присутствие такого видового разнообразия плесневых грибов может указывать на недостаточную эффективность применяемых санитарных процедур, так как биопленки, формируемые *Penicillium*, устойчивы к стан-

дартным дезинфектантам (Simões et al, 2023). Результаты, полученные Edlind et al. (2022), демонстрируют устойчивость *Candida* к перекиси водорода.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Системный сравнительный мониторинг воздушной среды и поверхностей технологического оборудования позволил не только выявить общие для отрасли закономерности контаминации, но и детально описать уникальные микробные профили, детерминированные спецификой каждого производства. В результате работы установлено, что микобиота формирует устойчивую экосистему, состоящую из универсального ядра, представленного высокоадаптированными видами *Penicillium gladioli*, *Cladosporium pseudocladosporioides* и *Penicillium polonicum*, и специфического периферического сообщества. Доминирование этого ядра подтверждает его ключевую роль как основного источника постоянного микробиологического риска. Параллельно выявление уникальных «сигнальных» видов, таких как *Geotrichum candidum* и *Thanatephorus cucumeris* на сыродельном производстве или *Aspergillus wentii* на предприятии с широким ассортиментом, служит точным диагностическим инструментом для идентификации специфических технологических и экзогенных каналов заноса контаминантов.

Основные направления будущих исследований должны быть сосредоточены на углубленной идентификации и оценке рисков с применением метагеномного секвенирования для изучения полного таксономического разнообразия и скрининга генов токсигенности, на проведении долгосрочных количественных мониторинговых исследований для установления корреляций между уровнем контаминации среды и качеством готовой продукции, а также на разработке новых технологий контроля, включая изучение новых дезинфектантов против конкретных выявленных доминантов. Реализация этих направлений будет способствовать переходу к проактивной системе управления микробиологическими рисками, что является неотъемлемым условием устойчивого развития молокоперерабатывающей отрасли и гарантии высочайшего качества и безопасности выпускаемой продукции.

ВКЛАД АВТОРОВ:

Махова А.А.: Разработка и проектирование методологии исследования; создание моделей, написание черновика рукописи

Юшина Ю.К.: Формулирование замысла/идеи исследования, целей и задач; написание рукописи — рецензирование и редактирование

Зайко Е.В.: Осуществление научно-исследовательского процесса, включая выполнение экспериментов или сбор данных/доказательств, написание рукописи — рецензирование и редактирование

Грудистова М.А.: Выполнение экспериментов

Стаханова О.А.: Выполнение экспериментов

Дерюгин В.К.: Выполнение экспериментов

AUTHOR'S CONTRIBUTION

Anzhelika A. Makhova: Development or design of methodology; creation of models; writing a draft of a manuscript

Yulia K. Yushina: Ideas; formulation or evolution of overarching research goals and aims, manuscript writing — reviewing and editing

Elena V. Zaiko: Conducting a research and investigation process, specifically performing the experiments, or data/evidence collection, manuscript writing — reviewing and editing

Maria A. Grudistova: Performing the experiments

Vyacheslav K. Deryugin: Performing the experiments

Olesya A. Stakhanova: Performing the experiments

ЛИТЕРАТУРА

- Юшина, Ю. К. (2022). Научные основы реинжиниринга процедур обеспечения микробиологической безопасности мясной продукции [Автореферат доктора технических наук, ФГБНУ «Федеральный научный центр пищевых систем им. В.М. Горбатова» РАН], Электронная библиотека диссертаций РГБ. <https://search.rsl.ru/ru/record/01011173143>
- Юшина, Ю. К., Зайко, Е. В., Батаева, Д. С., Грудистова, М. А., Махова, А. А., Дерюгин, В. К., & Агеева, Е. В. (2025). Источники и риски контаминации мясной продукции. Дифференцированная оценка роли воздушной среды и технологических поверхностей. *Мясная индустрия*, (11), 44–49. <https://doi.org/10.37861/2618-8252-2025-11-44-48>
- Юшина, Ю. К., Батаева, Д. С., Махова, А. А., Зайко, Е. В., & Грудистова, М. А. (2024). Экологический мониторинг пищевых предприятий методами масс-спектрометрии и метагеномного секвенирования. *Все о мясе*, (5), 26–30. <https://doi.org/10.21323/2071-2499-2024-5-26-30>
- Bernardi, A. O., Garcia, M. V., Copetti, M. V. (2019). Food industry spoilage fungi control through facility sanitization. *Current Opinion in Food Science*, 29, 28–34. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.07.006>
- Brooks, J. C., Martinez, B., Stratton, J., Bianchini, A., Krokstrom, R., & Hutkins, R. (2012). Survey of raw milk cheeses for microbiological quality and prevalence of foodborne pathogens. *Food Microbiology*, 31(2), 154–158. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2012.03.013>
- Edlind, T., & Katiyar, S. (2022). Intrinsically High Resistance of *Candida glabrata* to Hydrogen Peroxide and Its Reversal in a Fluconazole-Resistant Mutant. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 66(9), e0072122. <https://doi.org/10.1128/aac.00721-22>
- Garnier, L., Valence, F., & Mounier, J. (2017). Diversity and Control of Spoilage Fungi in Dairy Products: An Update. *Microorganisms*, 5(3), 42. <https://doi.org/10.3390/microorganisms5030042>
- Garnier, L., Valence, F., Pawtowski, A., Auhustsinava-Galerie, L., Frotté, N., Baroncelli, R., Deniel, F., Coton, E., & Mounier, J. (2017). Diversity of spoilage fungi associated with various French dairy products. *International Journal of Food Microbiology*, 241, 191–197. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.10.026>
- Martin, N. H., Torres-Frenzel, P., & Wiedmann, M. (2021). Invited review: Controlling dairy product spoilage to reduce food loss and waste. *Journal of Dairy Science*, 104(2), 1251–1261. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19130>
- Ropars, J., Cruaud, C., Lacoste, S., & Dupont, J. (2012). A taxonomic and ecological overview of cheese fungi. *International Journal of Food Microbiology*, 155(3), 199–210. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.02.005>
- Simões, L. C., Chaves, A. F. A., Simões, M., & Lima, N. (2023). Interactions between *Penicillium brevicompactum*/*Penicillium expansum* and *Acinetobacter calcoaceticus* isolated from drinking water in biofilm development and control. *International Journal of Food Microbiology*, 384, 109980. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109980>

REFERENCES

- Yushina, Yu. K. (2022). *Scientific Foundations of Reengineering Procedures for Ensuring Microbiological Safety of Meat Products [Abstract of a Doctor of Technical Sciences Dissertation, Federal Scientific Center for Food Systems named after V.M. Gorbatov of the Russian Academy of Sciences]*, Electronic Library of Dissertations of the Russian State Library. <https://search.rsl.ru/ru/record/01011173143>
- Yushina, Yu. K., Zaiko, E. V., Bataeva, D. S., Grudistova, M. A., Makhova, A. A., Deryugin, V. K., & Ageeva, E. V. (2025). Sources and risks of meat product contamination. Differentiated assessment of the role of the air environment and technological surfaces. *Meat Industry*, (11), 44-49. <https://doi.org/10.37861/2618-8252-2025-11-44-48>
- Yushina, Yu. K., Bataeva, D. S., Makhova, A. A., Zaiko, E. V., & Grudistova, M. A. (2024). Environmental monitoring of food enterprises using mass spectrometry and whole genome sequencing. *Vsyo o myase [All about Meat]*, (5), 26-30. <https://doi.org/10.21323/2071-2499-2024-5-26-30>
- Bernardi, A. O., Garcia, M. V., Copetti, M. V. (2019). Food industry spoilage fungi control through facility sanitization. *Current Opinion in Food Science*, 29, 28-34. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.07.006>
- Brooks, J. C., Martinez, B., Stratton, J., Bianchini, A., Krokstrom, R., & Hutkins, R. (2012). Survey of raw milk cheeses for microbiological quality and prevalence of foodborne pathogens. *Food Microbiology*, 31(2), 154–158. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2012.03.013>
- Edlind, T., & Katiyar, S. (2022). Intrinsically High Resistance of *Candida glabrata* to Hydrogen Peroxide and Its Reversal in a Fluconazole-Resistant Mutant. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 66(9), e0072122. <https://doi.org/10.1128/aac.00721-22>
- Garnier, L., Valence, F., & Mounier, J. (2017). Diversity and Control of Spoilage Fungi in Dairy Products: An Update. *Microorganisms*, 5(3), 42. <https://doi.org/10.3390/microorganisms5030042>
- Garnier, L., Valence, F., Pawtowski, A., Auhustsinava-Galerie, L., Frotté, N., Baroncelli, R., Deniel, F., Coton, E., & Mounier, J. (2017). Diversity of spoilage fungi associated with various French dairy products. *International Journal of Food Microbiology*, 241, 191–197. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.10.026>
- Martin, N. H., Torres-Frenzel, P., & Wiedmann, M. (2021). Invited review: Controlling dairy product spoilage to reduce food loss and waste. *Journal of Dairy Science*, 104(2), 1251–1261. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19130>
- Ropars, J., Cruaud, C., Lacoste, S., & Dupont, J. (2012). A taxonomic and ecological overview of cheese fungi. *International Journal of Food Microbiology*, 155(3), 199–210. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.02.005>
- Simões, L. C., Chaves, A. F. A., Simões, M., & Lima, N. (2023). Interactions between *Penicillium brevicompactum*/*Penicillium expansum* and *Acinetobacter calcoaceticus* isolated from drinking water in biofilm development and control. *International Journal of Food Microbiology*, 384, 109980. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109980>