



王红宁,中国工程院院士,四川大学生物学双一流学科首席科学家、教授、博士生导师,国务院学位委员会生物学、生物工程学科评议组成员,中国畜牧兽医学学会学术顾问。主要从事猪、鸡疫病防控的前沿交叉基础和应用研究,开创“全链条-可溯源-能预测”立体畜禽疫病生物安全防控理论和方法,成果在我国猪、鸡主产区应用,建立我国猪、鸡细菌病生物安全防控新范式。主持国家863计划、973计划、自然科学基金重点、区域基金重点等项目,“十四五”国家重点研发计划首席科学家。第一或通信作者在国内重要学术期刊发表论文超过300篇,主编出版专著12部,牵头制定国家和地方标准11项。获国家科技进步二等奖2项,省部级科技进步一等奖6项。获全国创新争先奖(2023),全国三八红旗手(2023),何梁何利基金科学与技术创新奖(2013),百千万人才工程国家级人选,国家有突出贡献的中青年专家(2013),全国优秀科技工作者(2012),中国共产党十六大代表(2002)等荣誉。

基于 One Health 的动物-食品-人源沙门菌整合 溯源和预测预警研究进展

张安云,雷昌伟,唐艺芝,杨鑫,吴克,陈璇,王红宁

(四川大学生命科学学院 生物资源与生态环境教育部重点实验室,动物疫病防控与绿色发展

四川省重点实验室,成都 610065)

摘要: 沙门菌是全球范围内重要的食源性病原菌,该菌跨宿主传播与耐药演化特征复杂,对公共卫生安全与食品安全构成严重威胁。本文系统梳理了沙门菌在动物、食品与人群中的流行分布特征及其公共卫生意义,重点阐释了多重耐药菌株及高风险克隆在全球范围的传播扩散与流行特征。基于 One Health 理念,本文聚焦近年来沙门菌全链条溯源技术的研究进展,内容覆盖全基因组测序(WGS)、宏基因组学及新兴检测方法的应用进展,明确了多源数据融合与基因组分析在传播路径追溯中的核心作用。同时,本文综述了沙门菌预测预警体系的发展策略,总结了基因组信息与流行病学、环境、贸易数据深度融合的研究进展,以及依托人工智能与数学模型构建动态风险评估与早期预警平台的主要路径与技术框架。我国已在沙门菌流行监测、全链条溯源及主动预警领域储备了良好的工作基础,但仍面临数据标准不统一、信息共享不足、传播链解析不完整以及预警机制缺失等现实挑战。未来应进一步在 One Health 框架下构建统一的多源融合监测预警体系,推动防控工作从单一溯源向主动预警实现战略转型,为沙门菌精准防控提供创新解决方案,全面提升公共卫生安全水平。

关键词: 沙门菌; One Health; 全基因组测序; 基因组溯源; 整合溯源; 预测预警

中图分类号: Q93;R155

文献标志码: A

DOI: 10.19907/j.0490-6756.260244

收稿日期: 2026-07-29 **修回日期:** 2026-08-17 **接受日期:** 2026-08-18

基金项目: 国家自然科学基金(32530104);国家重点研发计划(2022YFC2303900);国家蛋鸡产业技术体系岗位科学家项目(CARS-39-K14)

作者简介: 张安云(1981—),男,重庆云阳人,博士,四川大学三级教授,主要从事畜禽细菌病及耐药性防控研究. E-mail: zhanganyun@scu.edu.cn

通信作者: 王红宁. E-mail: whongning@163.com

Advances in One Health-Based integrated source tracking and predictive early warning of *Salmonella* across the Animal-Food-Human chain

ZHANG Anyun, LEI Changwei, TANG Yizhi, YANG Xin, WU Ke, CHEN Xuan, WANG Hongning

(Animal Disease Prevention and Green Development Key Laboratory of Sichuan Province, Key Laboratory of Bio-Resource and Eco-Environment of Ministry of Education, College of Life Sciences, Sichuan University, Chengdu 610065, China)

Abstract: *Salmonella* is an important foodborne pathogen worldwide. Its cross-host transmission and antimicrobial resistance evolution are complex and pose risks to public health and food safety. In this review, the epidemiological distribution of *Salmonella* in animals, food, and humans and its public health relevance are summarized, with emphasis on the global spread and epidemiology of multidrug-resistant strains and high-risk clones. Under the One Health framework, recent advances in full-chain *Salmonella* source tracking are reviewed, including applications of whole-genome sequencing (WGS), metagenomics, and emerging detection methods. The central role of multisource data integration and genomic analysis in tracing transmission routes is described. Strategies for developing predictive early warning systems are also reviewed. Progress in integrating genomic, epidemiological, environmental, and trade data is summarized, together with the main approaches and technical frameworks used to build dynamic risk assessment and early warning platforms based on artificial intelligence and mathematical models. A foundation has been established in China for *Salmonella* surveillance, full-chain source tracking, and active early warning. However, inconsistent data standards, limited information sharing, incomplete analysis of transmission chains, and the lack of early warning mechanisms remain challenges. A unified multisource surveillance and early warning system should be developed under the One Health framework. This would support a shift from source tracking alone to active early warning and provide a basis for more targeted *Salmonella* prevention and control and improved public health protection.

Keywords: *Salmonella*; One Health; whole-genome sequencing; genomic source tracing; integrated source tracing; predictive early warning

1 国内外沙门菌流行特征及公共卫生意义

沙门菌(*Salmonella*)是一类重要的革兰氏阴性兼性厌氧菌,是全球范围内最常见的食源性病原菌之一。主要包含肠道沙门菌(*S. enterica*)和邦戈沙门菌(*S. bongori*)两个种,其中肠道沙门菌含多个亚种。根据宿主适应性和致病特征,沙门菌可分为伤寒沙门菌、副伤寒沙门菌和非伤寒沙门菌(non-typhoidal *Salmonella*, NTS),涵盖超 2600 种血清型。根据沙门菌基因组中 7 对管家基因可以将其分为不同的序列型,如肠炎沙门菌 ST11 和鼠伤寒沙门菌 ST34、ST8333 等,广泛分布于“动物-食品-人”全链条。每年,非伤寒沙门菌病导致全球数千万人感染和数万例死亡,其中绝大多数病例与消费受污染的动物源性食品(如禽肉、鸡蛋、猪肉和牛肉)有关。近年来,中国 NTS 感染呈

现不断上升的公共卫生压力。2013—2022 年我国食源性疾病监测系统共报告非伤寒沙门菌感染 55,266 例,其中城市病例占 70.06%,0~4 岁儿童占 53.59%,是重点易感人群;鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌为我国人群感染的主要血清型^[1]。沙门菌感染不仅造成沉重的医疗负担,还严重威胁畜禽健康和食品安全,对食品生产和畜禽养殖造成显著经济损失^[2-3]。

1.1 国内外沙门菌的流行特征

近年来,全球化贸易、集约化养殖模式的普及以及抗菌药物的广泛使用,深刻地改变了沙门菌的生态、传播和进化轨迹。“一体化健康”(One Health)理念的提出,更加强调了人类、动物与环境健康之间的紧密联系,我们须从一个更宏观、更系统的视角来审视动物源沙门菌问题(图 1)。不同国家和地区由于其畜牧业发展水平、生物安全措施执行力度、兽用抗生素监管政策以及公共卫生

监测体系的完善程度不同,其沙门菌的流行状况存在差异。在欧洲,挪威通过长期严格的国家控制计划,已显著降低本土食品动物中沙门菌的流行,其2022年和2023年的监测数据显示,猪和牛的沙门菌感染率极低,尸检阳性率仅为0.03%至0.09%^[4-5]。随着欧盟家禽业对肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌等重要血清型的控制,非常见血清型的报告数量出现一定程度上升;2025年的一项研究明确指出,山夫顿堡沙门菌在过去三年呈上升趋势,并已成为欧盟最常见的20种感染血清型之一。它在动物饲料、家禽养殖场和食品中被频繁检出,表明其已在家禽生产链中建立了稳固的生态位^[6]。同时,携带ESBL基因的肯塔基沙门菌ST198和携带pESI样质粒的多重耐药婴儿沙门菌也在欧洲多国畜禽中检出^[7-8]。索菲亚沙门菌在澳大利亚家禽及环境中常见;此外,肠炎沙门菌在澳大利亚鸡蛋相关暴发也多有报道,WGS证实大量病例关联同一菌株,提示肠炎沙门菌或已在局部蛋鸡产业链形成持续传播/扩散^[9-12]。研究发现,非洲动物源样本的沙门菌总流行率高达16.3%,家禽是污染最严重的动物类别^[13]。日、韩等东亚国家畜禽肠炎沙门菌和鼠伤寒沙门菌仍呈流行态势,同时也监测到携带pESI样质粒的多重耐药婴儿沙门菌克隆在禽产业链传播,基因组特征与欧美流行克隆相似,提示耐药克隆或通过食品链、贸易或种源流通跨区域扩散^[14-17]。本团队对国内畜禽沙门菌流行病学调查显示包括肠炎沙门菌、鼠伤寒沙门菌、姆班达卡沙门菌、肯塔基沙门菌在内的多种血清型仍在我国畜禽中流行,这些血清型可通过质粒和插入序列携带 bla_{OXA-10} 、 bla_{NDM} 等重要耐药基因^[18-21]。

食品沙门菌污染是人类感染的关键风险点。欧洲多国曾多次报道与鸡蛋及蛋制品相关的沙门菌污染和食源性暴发事件,其中以肠炎沙门菌最为突出^[22-24];美洲地区食品沙门菌污染以鸡肉、猪肉、牛肉及蛋类产品为重要载体,其中禽类产品仍是NTS向人传播的主要来源^[25]。美国NARMS零售肉监测数据显示,2002—2017年间在鸡肉、猪排和牛肉等零售肉类样本中分离到大量沙门菌,提示零售肉类仍是沙门菌持续监测的重点对象^[26]。尤其值得关注的是婴儿沙门菌已从一个次要血清型,成为全球范围内,特别是在家禽产业链中占主导地位的人兽共患病原体。2023—2024年欧盟的

报告确认,婴儿沙门菌是肉鸡中最常见的血清型之一^[27];同时,携带pESI样质粒的耐药克隆禽肉生产和产品检测中广泛出现,提示食品端沙门菌污染还伴随耐药克隆扩散风险^[28-29]。澳大利亚禽蛋相关沙门菌病长期以鼠伤寒沙门菌为主,澳大利亚多起蛋相关食源性暴发均与鼠伤寒沙门菌密切相关,提示蛋及蛋制品仍是该国沙门菌暴发的重要载体^[11]。亚洲地区食品沙门菌污染总体呈现污染率较高、血清型多样和耐药性突出的特点。我国2014—2022年动物源性食品监测95 771份,总阳性率9.25%;主要血清型依次为肠炎(14.23%)、鼠伤寒(8.52%)、德比(6.30%)、肯塔基(5.95%)与里森沙门菌(5.24%)。禽肉与猪肉污染突出,平均检出率分别为17.16%与20.81%;鸡蛋中沙门菌流行率7.2%,提示蛋及蛋制品仍是重要暴露源^[30-31]。本团队研究显示屠宰环节沙门菌血清型多样,是鸡肉污染的关键风险点^[32]。东南亚国家食品沙门菌污染也较突出,越南生肉和海鲜样本研究显示,肉类和水产品中可检出沙门菌并伴随耐药问题^[15];泰国曼谷零售食品研究也显示,NTS分离株具有耐药性和毒力相关特征^[33]。

人类沙门菌感染在全球仍是不容忽视公共卫生风险。非洲是侵袭性非伤寒沙门菌病(iNTS)负担最重地区之一。2017年全球约53.5万例iNTS病例及7.75万例死亡,其中78.9%病例和85.9%死亡集中于撒哈拉以南非洲,5岁以下儿童、HIV感染者、疟疾及营养不良患儿为高危人群^[34]。鼠伤寒沙门菌ST313为该地区代表性克隆,具宿主适应性、基因组进化与毒力调控重塑特征^[35-36],同时肠炎沙门菌ST11也是该地区重要侵袭性血清型^[37]。欧洲虽然已建立较为系统的沙门菌监测与控制体系,包括定期监测、目标血清型控制、阳性鸡群管理及部分国家疫苗免疫等措施,但人群沙门菌病仍存在国家间发病水平和优势血清型差异。例如,捷克等国家报告发病率较高,德国旅行相关病例构成重要输入来源,比利时监测资料中鼠伤寒沙门菌占比较高^[38-41]。美洲地区人群沙门菌感染则表现为食品暴发与耐药克隆传播并存的特点。2004—2016年NTS耐药感染持续受到关注;同时,携带pESI样质粒的多重耐药沙门菌克隆近十余年来在禽类产品和人群感染中持续出现,提示食品链污染、耐药质粒传播和人群感染之间存在密切联系^[42-43]。近年来我国食源性疾病监测

数据显示,城市居民和婴幼儿是非伤寒沙门菌感染的主要感染人群,鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌为流行优势血清型^[1]。

基于 One Health 的动物-食品-人源沙门菌全链条、全球流行情况表明,沙门菌在动物、食品和人群之间呈现明显的链条式分布和跨宿主传播特征。不同来源中沙门菌的检出比例、优势血清型

和耐药水平存在一定差异,但其流行格局与动物养殖、食品加工流通和人群消费暴露密切相关。未来应进一步加强 One Health 框架下的综合监测,整合人、动物、食品和环境来源菌株的基因组数据,构建覆盖“种源-养殖-屠宰加工-流通消费-人群感染”的连续监测、整合溯源和预测预警体系,为沙门菌科学防控提供科学依据。



图 1 沙门菌的全球流行特征和耐药性风险

Fig. 1 Global epidemiological characteristics and antimicrobial resistance risks of *Salmonella*

1.2 沙门菌整合溯源和预测预警需要解决的科学问题和技术难题

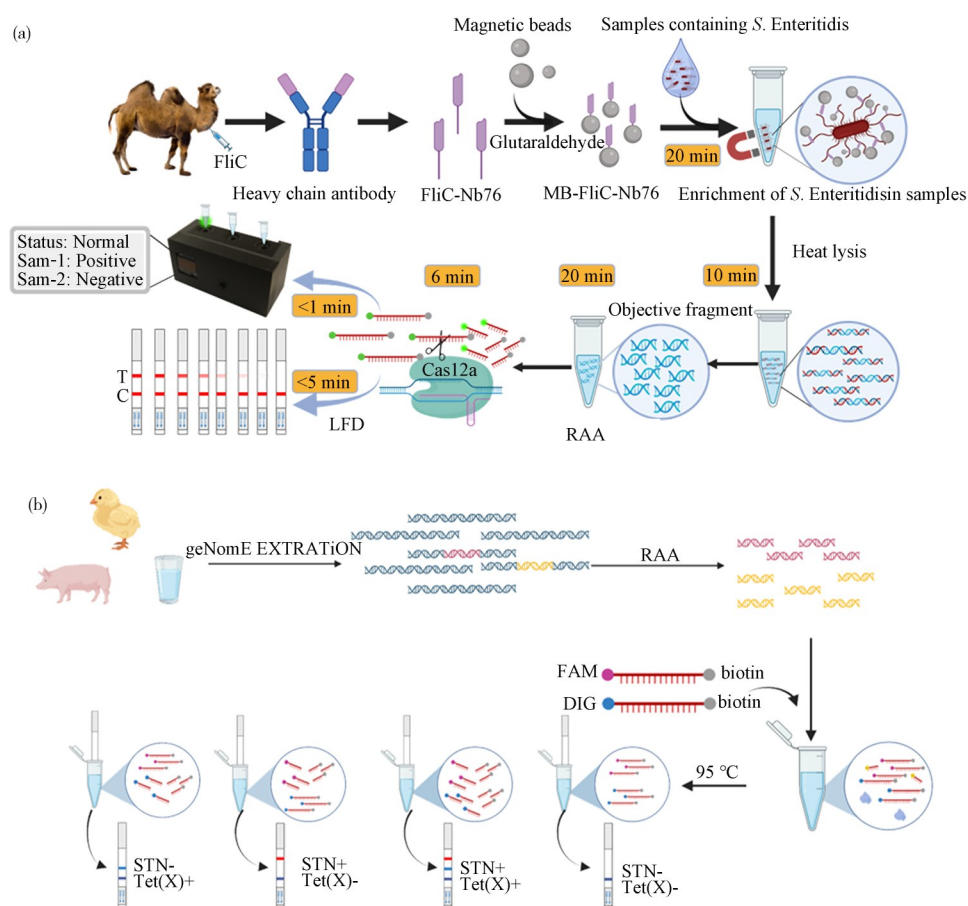
沙门菌整合溯源仍面临以下问题:(1)多源监测数据分散,统一标准和整合平台不完善。目前,沙门菌监测数据主要来源于动物养殖、食品消费、和临床病例等环节,但不同来源数据标准和信息记录并不统一。(2)动物-食品-人之间的传播链条不清,产业链关键风险点识别不足。在实际监测中,动物、食品和人源菌株常被分散分析,缺乏跨环节跨宿主的连续追踪,导致难以准确判断沙门菌感染的关键风险点。(3)风险预测模型和预警系统不足,主动防控能力仍有待提升。目前沙门菌防控多以事后检测和污染处置为主,尚未充分实现基于多源数据的主动预测和早期预警。综上,建立统一的数据标准和基因组分析流程,明确不同环节之间的传播关系和关键风险点,并在此基础上发展可应用的风险预测模型,才能推动沙门菌防控由被动应对向主动预警和源头阻断转变。要实现上述目标,需首先建立能够精准解析传播路径的技术体系。

2 基于 One Health 的动物-食品-人沙门菌整合溯源研究进展

2.1 沙门菌整合溯源方法研究进展

沙门菌的快速、灵敏、精准检测对于保障食品安全和公共卫生至关重要。近年来沙门菌检测技术逐渐由传统培养鉴定向免疫学检测、分子生物学检测、生物传感检测以及多技术融合检测方向发展。国内外针对沙门菌检测开发了CRISPR/Cas、等温扩增、PfAgo多种检测技术^[44-45]。围绕沙门菌快速检测与活菌识别,本团队建立了系列新的检测技术方法(图2):针对活菌检测难题,构建了基于适配体的三级信号放大的沙门菌活菌检测方法,实现了活沙门菌与死沙门菌的有效区分^[46];建立了RAA-dsDNase、PCR-CRISPR/Cas13a、PfAgo等多种检测体系,实现了沙门菌的高特异性识别^[47-49];构建了双重RAA-PfAgo-LFD可视化检测方法,为病原菌与耐药风险的一体化筛查提供了技术基础^[50];基于纳米抗体构建了肠炎沙门菌夹心ELISA检测方法;开发了便携式、可视化、无需复杂仪器且无需培养的纳米抗体-Cas12a肠炎沙

门菌现场检测方法,提升了沙门菌现场快速筛查的可行性^[51]。



(a) 基于 FliC 纳米抗体免疫磁珠富集、RAA 扩增和 CRISPR/Cas12a 信号识别的肠炎沙门菌现场可视化检测流程; (b) 双重 RAA-PfAgo-LFD 平台对沙门菌及耐药基因 *tet(X)* 的同步检测流程。

图 2 本团队开发的部分沙门菌快速检测技术平台示意图

Fig. 2 Schematic illustration of selected rapid detection platforms for *Salmonella* developed by our research team

数据库构建是推沙门菌整合溯源重要基础。依托国家重点研发计划,本团队建立了我国动物-食品-人源沙门菌实体整合菌种库和耐药数据库。以沙门菌、致病性大肠埃希菌等常见食源性病原菌为对象,整合全基因组测序、生物信息学分析、微生物学实验及流行病学调查等多种技术手段,系统建立数据库建设标准化、测序数据质量控制标准化以及生物信息分析流程标准化三大技术规范,构建覆盖“动物-食品-人”全链条、跨区域、跨环节、跨时间维度的食源性病原菌流行病学与基因组特征大型综合数据库,目前,该数据库已涵盖沙门菌、致病性大肠埃希菌等 10 类主要食源性致病菌,完成 8400 余株临床及环境分离菌株的高质量全基因组测序,系统整合既往自有研究数据及国际公开数据库资源共计 87 000 余株,数据内容包括详细的菌株来源信息、宿主类型、采样时间与地

点、血清型/序列型、耐药表型与基因型、毒力因子谱以及高质量组装的全基因组序列等。其中,动物源菌株 11 062 株,食品源菌株 46 287 株,人源菌株 29 824 株。为基于 One Health 的动物-食品-人源沙门菌整合溯源提供了重要菌种数据基础。

全基因组测序推动了沙门菌分子溯源从 MLST 向 cgMLST、wgMLST、cgSNP 更高分辨率方法转变。传统 MLST 基于 7 个保守基因,标准化好、便于全球共享,适合宏观谱系划分,但难以区分近缘菌株。cgMLST 比较数千个核心基因,分辨率更高且跨实验室可比,适合常规监测和跨地区传播分析。wgMLST 纳入部分可变基因,信息更丰富但标准化程度较低。cgSNP 通过全基因组 SNP 分析提供极高分辨率,适合暴发调查和精细溯源,但受参考基因组和分析参数影响,流程间可比性有限。因此,各方法互补:MLST 用于谱系划

分, cgMLST 用于标准化监测, cgSNP 用于精细溯源。多层次分型方法的联合应用正成为沙门菌监测和暴发溯源的重要技术体系。除单菌株全基因组测序外, 宏基因组测序技术也为病原菌监测提供了新的方向。宏基因组测序可在不依赖纯培养的情况下直接分析食品、环境、粪便或临床样本中的微生物群落组成及潜在病原菌、耐药基因和毒力基因分布, 为复杂样品中病原菌风险评估提供了重要工具。本团队建立了病原菌全基因组、宏基因组溯源, 病原菌的二代+三代分析方法, 降低了测序分析成本, 已可以用于大规模样品测序分析。未来, 随着实时测序、自动化样品处理、标准化生物信息流程和人工智能辅助分析的发展, 基因组测序技术将在病原菌精准识别、传播溯源、耐药监测和公共卫生预警中发挥更加重要的作用。

2.2 基于 One Health 的动物-食品-人源沙门菌整合溯源案例

沙门菌的传播涉及动物养殖、食品加工、和人群感染多个环节。因此, 在 One Health 框架下对多源菌株整合溯源, 已成为解析沙门菌传播路径、宿主适应、耐药演化及公共卫生风险的重要手段。肠炎沙门菌是 One Health 框架下的危害最大的沙门菌血清型之一, 其流行与种禽国际贸易、集约化生产、食品污染和人类感染密切相关。Li 等整合 1949—2020 年 30 015 株基因组及活禽贸易数据, 揭示其大流行与国际种禽贸易高度相关, 强调需从“上游种禽-生产链-消费”全链条理解其跨洲传播^[52]。更大尺度的研究进一步表明, 肠炎沙门菌的演化受地理分布、宿主来源、动物种类、抗菌药物使用及养殖结构等多因素共同影响^[53-54]。鼠伤寒沙门菌具有广泛宿主范围, 可感染猪、牛、禽类及人类, 其中, 单相变异株 ST34 已成为全球流行的多重耐药克隆, 并在动物源食品链和人群感染中持续检出^[11, 55]。Ingle 等结合贝叶斯系统发育、基因组流行病学和表型实验, 揭示 ST34 在澳大利亚经历多次输入, 并形成具有不同耐药谱和流行动力学特征的谱系^[11]。Chung The 等基于越南及全球 ST34 菌株基因组发现, 该克隆自 2000 年以来至少 9 次传入越南, 并形成 5 个共流行克隆^[56]。肯塔基沙门菌 ST198 是耐药沙门菌跨洲传播的代表性血清型, 突出体现了耐药岛、染色体耐药突变与国际传播之间的紧密关联。Hawkey 等对来自五大洲的 ST198 菌株进行全球系统发育分析发现,

多重耐药株属于单一谱系, 推测其约在 1989 年前后获得 SGI1-K 耐药岛后形成, 可能起源于埃及, 随后扩散至非洲其他地区、中东、亚洲和欧洲。在传播过程中, 该克隆进一步积累 *gyrA* 和 *parC* 等喹诺酮耐药突变, 导致高水平环丙沙星耐药^[57]。近年区域性研究也证实了 ST198 的持续演化与扩散: Qu 等在北京 2016—2023 年人源和食品源菌株中发现 ST198 已形成多个共流行分支, 并普遍携带喹诺酮耐药突变及多种耐药基因^[58]; Benamrouche 等对阿尔及利亚多源 ST198 的研究则支持北非可能是其持续流行和外溢的重要区域^[59]。我国国家食源性疾病分子溯源网络 (TraNet) 已覆盖全国 32 个省级及 266 家地市级疾病预防控制中心, 累计收集近 10 万条高质量沙门菌全基因组测序数据, 在多处跨省暴发事件的精准溯源中发挥了关键支撑作用。广西玉林市持续十年的健康人群主动监测数据显示, 食品从业人员是病原菌从动物源和食品链向人群传播的关键中介环节^[60]。虽然我国目前已逐步建立涵盖临床、食品及动物来源的沙门菌监测体系, 并开始将 WGS 应用于菌株分型、耐药性监测和分子溯源。不同来源监测体系在样本采集、测序平台、数据处理及基因组分析流程等方面仍存在一定差异。尤其是动物源、食品源与人源菌株缺乏统一的基因组数据标准和分析框架, 一定程度上限制了跨来源菌株的直接比较及传播链重建。因此, 未来有必要在 One Health 框架下进一步推动跨部门监测数据互联, 统一 WGS 测序质量控制、分型及遗传聚类判定标准, 并建立可持续更新的多来源沙门菌基因组数据库, 从而实现动物-食品-人群传播链的连续监测和快速溯源, 为沙门菌暴发预警、风险评估及精准防控提供更加系统的数据支撑。

围绕家禽产业链中的沙门菌传播风险, 本团队开展了系列基因组溯源研究, 揭示了种源端、养殖端、屠宰端及跨物种传播中的关键风险点 (图 3)。对五省份种鸡场分离株进行 WGS 分析, 发现种鸡场是沙门菌污染的重要源头, 其中肯塔基沙门菌耐药性最高, 提示种源端监测对全链条防控具有重要意义。在传播路径方面, 本团队通过单核苷酸多态性 (SNP) 分型确证了肠炎沙门菌从祖代鸡向子代鸡的垂直传播, 并利用全基因组测序追踪发现, 肉鸡屠宰过程中脱毛和取内脏工序是污染高峰, 德比、印第安纳和肯塔基沙门菌在养殖

场与屠宰场之间存在克隆传播^[18,32]。在跨物种传播方面,ST19鼠伤寒沙门菌禽源克隆与临床人源株基因组差异极小,为沙门菌在家禽和人类之间的传播提供了分子证据^[20]。本团队对家禽姆班达卡沙门菌溯源显示其可能由英国传播至我国并经历了耐药性增强^[19]。此外,还发现蛋鸡场环境样本,如粪便、灰尘和水,与鸡蛋来源菌株之间存在遗传关联性克隆,并在川西高原牦牛群中首次系统报道了德比沙门菌经水源传播的跨物种扩散事件^[61]。这些研究从种源端、养殖环境、屠宰加工和跨物种传播多个层面,揭示了家禽及相关动物生产体系中沙门菌传播的复杂性,为One Health背景下沙门菌感染的防控提供了重要依据。

综上,基于One Health的动物-食品-人源沙门

菌整合溯源,已从单一来源监测逐步转向多源数据整合和全链条风险解析。未来应围绕优势血清型和高风险克隆建立统一的基因组监测体系,系统整合动物、食品、环境和临床菌株的采样时间、地理位置、宿主来源、贸易信息;结合时间标定系统发育、系统发育地理学、耐药质粒追踪、泛基因组比较及可移动遗传元件结构解析,精准识别动物-食品-人传播链中的关键节点。充分融合WGS、流行病学调查、贸易数据和环境监测信息,将有助于推动沙门菌溯源由事后调查向主动监测、风险预测和早期预警转变,为One Health框架下沙门菌精准防控提供科学依据。上述溯源研究揭示了传播的关键节点,而这些发现也为构建前瞻性的风险预警模型奠定了基础(图4)。

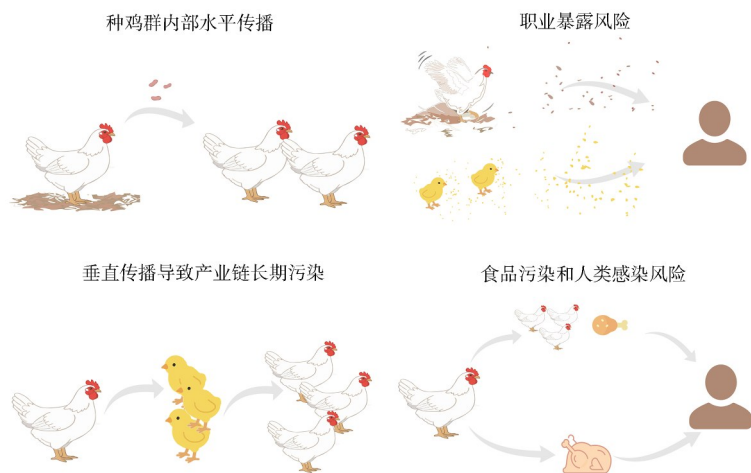


图3 育种产业链沙门菌对家禽养殖和人类健康危害示意图

Fig. 3 Schematic diagram illustrating the harm of *Salmonella* in the poultry breeding industry chain to poultry farming and human health

3 沙门菌传播风险预测预警研究进展

3.1 沙门菌传播风险预测预警的技术方法

WGS技术与多维元数据的深度融合,构成了沙门菌预测预警的数据基础与源头支撑。WGS已全面替代传统分子分型技术,成为沙门菌主动监测体系的核心支撑手段。美国PulseNet系统聚焦于人群感染病例的病原体溯源^[62-63],GenomeTrakr平台则侧重于食品及环境样本中沙门菌的系统性筛查^[64-65];二者通过统一的数据标准、质控流程与共享机制,实现了跨州、跨部门、跨环节的暴发信号协同识别与快速响应^[66]。然而,WGS本质上仅能提供高分辨率的遗传同源性判定能

力,其真正发挥早期预警价值的关键,在于将基因组序列数据与精确的时空信息、宿主临床特征、饮食暴露史、动物养殖与食品流通链等多维元数据深度融合,从而构建“测序-分析-研判-干预”的全链条闭环响应机制。

在数据基础之上,来源归因算法的智能化升级与预测模型的多源集成,以及技术平台的系统化整合,共同推动了预警方法学从单一分析向协同研判的范式跃迁(图5)。在来源归因研究领域,方法学正加速由经验驱动的传统统计模型向数据驱动的机器学习范式转型:随机森林、支持向量机、梯度提升树等算法已成功应用于基于核心基因组单核苷酸多态性(cgSNP)或多位点序列分型(MLST)特征,对人源分离株进行食品源或动物源



图 4 One Health 框架下沙门菌多源数据整合溯源示意图
Fig. 4 Schematic illustration of multi-source data integration for *Salmonella* source attribution under the One Health framework

归属概率预测^[67-72]。当前预测模型研发呈现显著多元化趋势,不仅涵盖传统时间序列建模,更广泛拓展至时空贝叶斯统计、多源异构数据融合建模、图神经网络及社交媒体、气象、物流等非传统数据驱动分析等前沿方向;未来发展方向明确指向多模型协同集成架构——即以 WGS 聚类精准界定传播簇,依托归因模型推断主要污染源头,结合时空风险模型圈定高危区域与时段,再联动动物健康监测与食品供应链追溯数据提供前置性风险信号,最终形成逻辑严密、动态迭代、可操作性强的系统化风险研判与决策支持体系^[73-76]。在技术平台层面,EnteroBase、NCBI Pathogen Detection 等开放基因组分析平台,与 PulseNet、GenomeTrakr、TraNet 等国家级监测网络形成功能互补与数据互通;然而,上述平台的有效运转仍受限于动物与环境端常规监测覆盖不足、跨部门数据共享机制缺失,以及预警阈值与响应路径尚未明确化等瓶颈。英国 PATH-SAFE 项目则代表了“*One Health*”理念下的整合型平台演进路径,致力于打通从现场采样、实验室测序、数据分析到公共卫生干预及政策反馈的全生命周期管理链条^[66,77-79]。

依托国家重点研发计划项目支持,本团队自主研发了多维度仿真驱动的沙门菌传播风险评估与智能预警系统,原创性提出抗生素耐药性流行

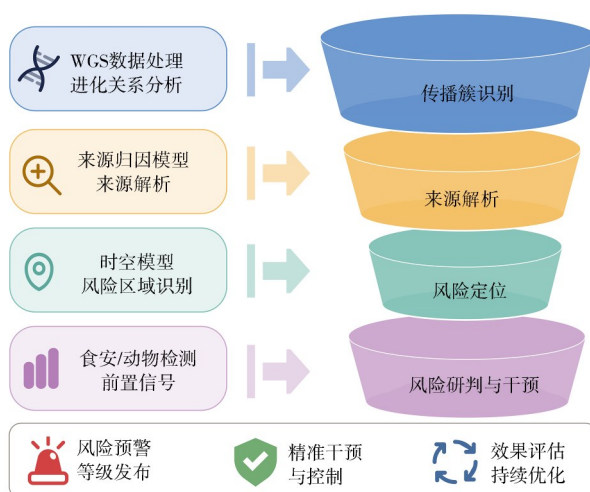


图 5 沙门菌整合溯源和预测预警的技术

Fig. 5 Technologies for integrated source tracing, prediction, and early warning of *Salmonella*

指数(Antibiotic Resistance Epidemic Index, AEI),该指数综合整合时空传播动态、宿主溯源特征、跨生态位迁移路径及耐药质粒定位信息等多源异构要素,实现对耐药沙门菌传播风险的精细化量化评估;所构建的预测模型在多个独立验证队列中 AUC 值达 0.87~0.94,具备良好的区分效能与稳健性,成功支撑耐药沙门菌传播风险的三级分级预警(本团队未发表数据)。



图 6 病原菌及耐药基因传播预测模型

Fig. 6 Predictive models for the transmission of pathogens and antimicrobial resistance genes

3.2 基于 *One Health* 的动物-食品-人沙门菌预测预警案例

英国 PATH-SAFE 项目是“*One Health*”理念下整合性监测的典范实践:该项目投入 2400 万英

镑,联合65家机构协同攻关,以非伤寒沙门菌为示范病原体,成功构建覆盖全链条的基因组数据平台,并已进入英国政府试运行阶段,初步形成标准化、可推广的监测技术路径^[80]。美国疾病控制与预防中心(CDC)则基于随机森林算法开发了食品来源归因模型,依托全基因组多位点序列分型(wgMLST)数据,显著提升了对散发性沙门菌感染病例食品源头的精准推断能力^[67]。此外,深度学习模型DeepSANet在涵盖全球多种血清型沙门菌的异质化数据集上实现了逾90%的地理溯源准确率,有力证实了人工智能方法在沙门菌分子溯源领域的应用前景与技术可行性^[77]。

TraNet监测网络已在多起重大食源性疾病暴发事件中成功实现病原溯源。2023年底,该网络首次鉴定出鼠伤寒沙门菌单相变种的新序列型ST8333;通过系统发育分析进一步揭示:该克隆株起源于青海省,在传入四川省后获得携带多重耐药基因的猪源质粒,继而扩散至全国多个省份^[81]。该菌株对氨基糖苷类、氟喹诺酮类及 β -内酰胺类等多种抗生素呈现高比例耐药表型,提示其存在跨宿主(动物-环境-人)传播风险,凸显了WGS联合系统发育分析在识别与预警新兴耐药克隆方面的关键作用。此外,本团队建立的多维仿真传播风险评估预警系统成功预测腹泻病人中沙门菌携带*tet*(X4)基因的质粒出现与传播,为监测和防控“动物-食品-人”相关食源性耐药菌及耐药基因的传播流行、降低公众健康风险等方面提供了科学依据和技术支撑,首次提出食源性病原菌“预测预警、源头阻断”的中国方案。该系统已在30个省(区、市)和新疆生产建设兵团疾病预防控制中心的食品安全风险监测工作中应用(图6)。

沙门菌预测预警正从单一技术突破向系统化平台整合转型。国际经验表明WGS与多源数据融合是核心路径,我国TraNet已初步建成但动物与环境端数据仍薄弱,本团队在AEI构建和健康人群监测方面形成特色优势。未来需着力统一数据标准、填补常规监测盲区、明确预警阈值与响应路径,构建覆盖全链条的One Health整合预警体系,实现从被动溯源到主动预警的跨越。然而,要实现这一跨越,仍需正视当前体系中的关键短板。

4 总结与展望

沙门菌是全球重要食源性病原菌,可经动物-

食品-人跨生态位传播,不仅造成畜禽养殖业、食品加工工业巨额经济损失,其引发的食源性感染严重威胁公众健康和公共卫生健康。传统分散式的单环节监测与溯源模式难以完整还原沙门菌跨领域传播链条,无法满足主动防控的需求,基于One Health理念开展多源整合的沙门菌溯源与预测预警,是从源头阻断传播、实现精准防控的核心前提。

从当前国内外研究与应用实践来看,全基因组测序技术已经全面替代传统分型方法,成为沙门菌监测溯源的核心技术支撑,多源数据融合与人工智能建模也大幅提升了沙门菌传播风险预测的精度,One Health整合防控的理念已经得到领域内的广泛共识,我国也已经初步建成国家级沙门菌全基因组溯源网络,在多起暴发事件处置中发挥了关键作用。但整体而言,我国沙门菌整合防控体系仍存在明显短板:一是动物养殖、食品流通、公共卫生等不同领域间的数据共享壁垒尚未完全打破,数据标准不统一,难以实现全链条数据整合分析;二是前端监测覆盖不足,种源端、环境端的常态化监测体系尚未建立,源头风险发现能力不足;三是预警结果的落地转化机制不完善,预警触发后的分级响应、干预路径仍不清晰,难以真正实现从被动溯源到主动预警的转型。

针对该领域仍存在数据壁垒突出、监测体系不完善、预警机制不健全等问题。后续需构建国家级One Health框架下的沙门菌数据平台,统一WGS监测标准;开展一体化传播动力学建模,将气候变化纳入模型变量;基于基因组开展风险分层,实施差异化防控;探索可持续资金投入模式。未来研究需进一步深入贯彻One Health的整体性思维,推动研究范式从孤立的病原体研究向复杂生态系统研究转型。

一体化传播动力学建模:未来的研究模型不应仅止步于明确病原体的来源,更需阐明其传播路径与未来流行走向。需构建可耦合动物种群、人类社会、食品供应链与环境因素的复杂系统动力学模型,模拟疫苗接种、净化、抗生素管控政策等不同干预措施在整个生态系统中的长远影响与成本效益,为宏观决策提供量化支撑,尤其需将气候变化作为关键变量,量化其对未来沙门菌区域风险格局的影响。

基于基因组的风险分层与精准靶向:不同沙

门菌菌株的风险程度存在明显差异。未来研究需依托基因组学与表型组学数据,区分毒力更强、耐药性更高、更易传播的高风险克隆与低风险克隆,推动防控资源精准投向高风险克隆,实施基于风险分层的差异化管理策略,替代覆盖所有沙门菌的“一刀切”防控模式。

未来沙门菌溯源与预测预警不再是公共卫生、农业或食品安全领域单一部门的独立行动,而是一项需要跨部门、跨学科、跨国界协同推进的系统性工程。该项工作的核心在于破除数据壁垒,构建覆盖从基因组到气候、从农场到餐桌全链条的一体化监测预警平台。对中国而言,当前已具备条件率先建成世界领先的沙门菌一体化智能溯源与预测预警体系。这一“中国方案”不仅可有效保障本国国民健康与食品安全,更能够为全球应对沙门菌及其他重大食源性疾病挑战提供宝贵经验与参考范例。

参考文献:

- [1] Wang T, Li W, Zhang R, *et al.* Epidemiological features of nontyphoidal *Salmonella* infections reported to foodborne disease surveillance system in China, 2013—2022 [J]. BMC Public Health, 2025, 25: 2258.
- [2] Li H, Wu Y, Feng D, *et al.* Centralized industrialization of pork in Europe and America contributes to the global spread of *Salmonella enterica* [J]. Nat Food, 2024, 5(5): 413-422.
- [3] Wang Y, Liu Y, Lyu N, *et al.* The temporal dynamics of antimicrobial-resistant *Salmonella enterica* and predominant serovars in China [J]. Natl Sci Rev, 2023, 10(3): nwac269.
- [4] Norwegian Veterinary Institute. The Norwegian zoonoses report 2023: Report 38-2024 [R]. Oslo: Norwegian Veterinary Institute, 2024.
- [5] Norwegian Veterinary Institute. The Norwegian zoonoses report 2022: Report 29-2023 [R]. Oslo: Norwegian Veterinary Institute, 2023.
- [6] Shchur N, Shevchenko M, Shalimova L, *et al.* Emergence of *Salmonella* Senftenberg in animal feeds in Ukraine: Antimicrobial resistance and biofilm formation [J]. Ger J Microbiol, 2025, 5(2): 13-26.
- [7] Alba P, Leekitcharoenphon P, Carfora V, *et al.* Molecular epidemiology of *Salmonella* Infantis in Europe: Insights into the success of the bacterial host and its parasitic pESI-like megaplasmid [J]. Microb Genom, 2020, 6(5): e000365.
- [8] Russo I, Fischer J, Uelze L, *et al.* From farm to fork: Spread of a multidrug resistant *Salmonella* Infantis clone encoding bla CTX-M-1 on pESI-like plasmids in Central Italy [J]. Int J Food Microbiol, 2024, 410: 110490.
- [9] Whiley H, Ross K. *Salmonella* and eggs: from production to plate [J]. Int J Environ Res Public Health, 2015, 12(3): 2543-2556.
- [10] Luo L, Payne M, Wang Q, *et al.* Genomic epidemiology and multilevel genome typing of Australian *Salmonella enterica* serovar enteritidis [J]. Microbiol Spectr, 2023, 11: e03014-e03022.
- [11] Ingle D J, Ambrose R L, Baines S L, *et al.* Evolutionary dynamics of multidrug resistant *Salmonella enterica* serovar 4, [5], 12: i: -in Australia [J]. Nat Commun, 2021, 12: 4786.
- [12] Cooper C, Moore S C, Moore R J, *et al.* *Salmonella enterica* subsp. salamaeserovar Sofia, a prevalent serovar in Australian broiler chickens, is also capable of transient colonisation in layers [J]. Br Poult Sci, 2018, 59(3): 270-277.
- [13] Appiah P O, Tetteh-Quarcoo P B, Ayeh-Kumi P F, *et al.* *Salmonella* in African animals and animal-derived foods: A continent-wide systematic review and meta-analysis of prevalence, serovar distribution and antimicrobial resistance [J]. Zoonoses Public Health, 2026, 73(5): 393-414.
- [14] Van T T H, Nguyen H N K, Smooker P M, *et al.* The antibiotic resistance characteristics of nontyphoidal *Salmonella enterica* isolated from food-producing animals, retail meat and humans in South East Asia [J]. Int J Food Microbiol, 2012, 154(3): 98-106.
- [15] Nguyen D T A, Kanki M, Do Nguyen P, *et al.* Prevalence, antibiotic resistance, and extended-spectrum and AmpC β -lactamase productivity of *Salmonella* isolates from raw meat and seafood samples in Ho Chi Minh City, Vietnam [J]. Int J Food Microbiol, 2016, 236: 115-122.
- [16] Kim M B, Jung H-R, Lee Y J. Emergence of *Salmonella* Infantis carrying the pESI megaplasmid in commercial farms of five major integrated broiler operations in Korea [J]. Poult Sci, 2024, 103(4): 103516.
- [17] Jeong J, Chae M, *et al.* Emergence and characteristics of multidrug-resistant *Salmonella enterica* sub-

- species enterica serovar Infantis harboring the pESI plasmid in chicken slaughterhouses in South Korea [J]. Microbiol Spectr, 2025, 13(7): e02955-e02924.
- [18] Lei C W, Zhang Y, Kang Z Z, *et al.* Vertical transmission of *Salmonella* Enteritidis with heterogeneous antimicrobial resistance from breeding chickens to commercial chickens in China [J]. Vet Microbiol, 2020, 240: 108538.
- [19] Wu K, Yang J, Zhang T, *et al.* Emergence and traceability of *Salmonella enterica* serotype Mbandaka harboring bla OXA-10 from chickens in China [J]. Vet Microbiol, 2025, 307: 110593.
- [20] Zhang J, Xu W, Wu K, *et al.* Clonal dissemination of ST19 *Salmonella* Typhimurium within a Chinese poultry breeding pyramid and One-Health implications [J]. Poult Sci, 2026, 105(1): 106097.
- [21] Zhou Y, Wu K, Lin H, *et al.* Whole genome sequencing of *Salmonella* in poultry from China reveals the presence of bla NDM-5 in different serotypes [J]. Poult Sci, 2025, 104(11): 105647.
- [22] Inns T, Ashton P M, Herrera-Leon S, *et al.* Prospective use of whole genome sequencing (WGS) detected a multi-country outbreak of *Salmonella* Enteritidis [J]. Epidemiol Infect, 2017, 145(2): 289-298.
- [23] Pijnacker R, Dallman T J, Tijsma A S L, *et al.* An international outbreak of *Salmonella enterica* serotype Enteritidis linked to eggs from Poland: A microbiological and epidemiological study [J]. Lancet Infect Dis, 2019, 19(7): 778-786.
- [24] Inns T, Lane C, Peters T, *et al.* A multi-country *Salmonella* Enteritidis phage type 14b outbreak associated with eggs from a German producer: 'near real-time' application of whole genome sequencing and food chain investigations, United Kingdom, May to September 2014 [J]. Eurosurveillance, 2015, 20(16): 21098.
- [25] Diaz D, Hernandez-Carreño P E, Velazquez D Z, *et al.* Prevalence, main serovars and anti-microbial resistance profiles of non-typhoidal *Salmonella* in poultry samples from the Americas: a systematic review and meta-analysis [J]. Transboundary Emerging Dis, 2022, 69(5): 2544-2558.
- [26] Tate H, Li C, Nyirabahizi E, *et al.* A national antimicrobial resistance monitoring system survey of antimicrobial-resistant foodborne bacteria isolated from retail veal in the United States [J]. J Food Prot, 2021, 84(10): 1749-1759.
- [27] European Food Safety Authority (EFSA); European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European union one health 2023 zoonoses report [J]. EFSA J, 2024, 22(12): e9106.
- [28] McMillan E A, Wasilenko J L, Tagg K A, *et al.* Carriage and gene content variability of the pESI-like plasmid associated with *Salmonella* infantis recently established in United States poultry production [J]. Genes, 2020, 11(12): 1516.
- [29] Nyirabahizi E, Tyson G H, Tate H, *et al.* Northeastern U. S. *Salmonella* strains from retail meat are more prevalent and more resistant to antimicrobials [J]. J Food Prot, 2020, 83(5): 849-857.
- [30] Li Y, Liu L, Bai L, *et al.* Spatio-temporal prevalence and distribution of *Salmonella* spp. serovars in animal-origin foods in China: a comprehensive outlook derived from nine years of national surveillance, 2014—2022 [J]. Food Res Int, 2025, 219: 116931.
- [31] Chen J, Huang L, An H, *et al.* One Health approach probes zoonotic non-typhoidal *Salmonella* infections in China: a systematic review and meta-analysis [J]. J Glob Health, 2024, 14: 04256.
- [32] Wang Y T, Lei C W, Liu S Y, *et al.* Tracking *Salmonella enterica* by whole genome sequencing of isolates recovered from broiler chickens in a poultry production system [J]. Int J Food Microbiol, 2021, 350: 109246.
- [33] Kong-Ngoen T, Santajit S, Tunyong W, *et al.* Antimicrobial resistance and virulence of non-typhoidal *Salmonella* from retail foods marketed in bangkok, Thailand [J]. Foods, 2022, 11(5): 661.
- [34] Parisi A, Stanaway J D, Sarkar K, *et al.* The global burden of non-typhoidal *Salmonella* invasive disease: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017 [J]. Int J Infect Dis, 2020, 101: 341.
- [35] Kingsley R A, Msefula C L, Thomson N R, *et al.* Epidemic multiple drug resistant *Salmonella* Typhimurium causing invasive disease in sub-Saharan Africa have a distinct genotype [J]. Genome Res, 2009, 19(12): 2279-2287.
- [36] Pulford C V, Perez-Sepulveda B M, Canals R, *et al.* Stepwise evolution of *Salmonella* Typhimurium ST313 causing bloodstream infection in Africa [J]. Nat Microbiol, 2021, 6(3): 327-338.
- [37] Park S E, Pham D T, Pak G D, *et al.* The genomic epidemiology of multi-drug resistant invasive non-typhoidal *Salmonella* in selected sub-Saharan African countries [J]. BMJ Glob Health, 2021, 6(8):

- e005659.
- [38] Baum J H J, Dörre A, Boender T S, *et al.* Establishing and validating syndromic surveillance of gastrointestinal infections using routine emergency department data, Germany, 2019—2023 [J]. *Sci Rep*, 2025, 15: 38281.
- [39] Špačková M, Liptáková M, Daniel O, *et al.* Epidemiology of human salmonellosis in Czechia — A country with the highest European notification rate, 2012 to 2023 [J]. *Eurosurveillance*, 2026, 31(3): 2500223.
- [40] Van Goethem N, Van Den Bossche A, Ceysens P-J, *et al.* Coverage of the national surveillance system for human *Salmonella* infections, Belgium, 2016–2020 [J]. *PLoS One*, 2021, 16(8): e0256820.
- [41] Brait V, Boff L, Zmarlak-Feher N M, *et al.* Insights into recurring multi-country outbreaks of *Salmonella* Strathcona associated with tomatoes, Europe, 2011 to 2024 [J]. *Euro Surveill*, 2025, 30(41).
- [42] Medalla F, Gu W, Friedman C R, *et al.* Increased incidence of antimicrobial-resistant nontyphoidal *Salmonella* infections, United States, 2004—2016 [J]. *Emerg Infect Dis*, 2021, 27(6): 1662–1672.
- [43] Brown A C, Chen J C, Watkins L K F, *et al.* CTX-M-65 extended-spectrum β -lactamase-producing *Salmonella enterica* serotype infantis, united States1 [J]. *Emerg Infect Dis*, 2018, 24(12): 2284–2291.
- [44] An B, Zhang H, Su X, *et al.* Rapid and sensitive detection of *Salmonella* spp. using CRISPR-Cas13a combined with recombinase polymerase amplification [J]. *Front Microbiol*, 2021, 12: 732426.
- [45] Yang Q, Domesle K J, Ge B. Loop-mediated isothermal amplification for *Salmonella* Detection in food and feed: current applications and future directions [J]. *Foodborne Pathog Dis*, 2018, 15(6): 309–331.
- [46] Zhou C, Li W, Zhao Y, *et al.* Sensitive detection of viable *Salmonella* bacteria based on tertiary cascade signal amplification *via* splintR ligase ligation-PCR amplification-CRISPR/Cas12a cleavage [J]. *Anal Chim Acta*, 2023, 1248: 340885.
- [47] Zhao Y, Zhang T, Zhou C, *et al.* *Pyrococcus furiosus* Argonaute-based detection assays for porcine deltacoronavirus [J]. *ACS Synth Biol*, 2024, 13(4): 1323–1331.
- [48] Zhao Y, Zhou C, Guo B, *et al.* *Pyrococcus furiosus* Argonaute-mediated porcine epidemic diarrhea virus detection [J]. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2024, 108: 137.
- [49] Zhao Y, Yang M, Zhou C, *et al.* Establishment of a simple, sensitive, and specific ASFV detection method based on *Pyrococcus furiosus* Argonaute [J]. *Biosens Bioelectron*, 2024, 254: 116230.
- [50] Guo B, Xu Q, Zhou Y, *et al.* Rapid dual detection of *Salmonella* and Tet(X) plasmid based on RAA combined with *Pyrococcus furiosus* Argonaute and LFD [J]. *Sens Actuat B Chem*, 2026, 450: 139237.
- [51] Xu Q, Yang M, Peng H, *et al.* Portable high-sensitivity detection of *Salmonella* Enteritidis using nanobody capture and CRISPR/Cas12a [J]. *Sens Actuat B Chem*, 2025, 443: 138226.
- [52] Li S, He Y, Mann D A, *et al.* Global spread of *Salmonella* Enteritidis *via* centralized sourcing and international trade of poultry breeding stocks [J]. *Nat Commun*, 2021, 12: 5109.
- [53] Cao G, Zhao S, Kuang D, *et al.* Geography shapes the genomics and antimicrobial resistance of *Salmonella enterica* Serovar Enteritidis isolated from humans [J]. *Sci Rep*, 2023, 13: 1331.
- [54] Wang Y, Xu X, Jia S, *et al.* A global atlas and drivers of antimicrobial resistance in *Salmonella* during 1900—2023 [J]. *Nat Commun*, 2025, 16: 4611.
- [55] Branchu P, Charity O J, Bawn M, *et al.* SGI-4 in monophasic salmonella typhimurium ST34 is a novel ICE that enhances resistance to copper [J]. *Front Microbiol*, 2019, 10: 1118.
- [56] Chung The H, Pham P, Ha Thanh T, *et al.* Multi-drug resistance plasmids underlie clonal expansions and international spread of *Salmonella enterica* serotype 1, 4, [5], 12: i: - ST34 in Southeast Asia [J]. *Commun Biol*, 2023, 6: 1007.
- [57] Hawkey J, Le Hello S, Doublet B, *et al.* Global phylogenomics of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serotype Kentucky ST198 [J]. *Microb Genom*, 2019, 5(7): e000269.
- [58] Qu M, Huang Y, *et al.* Prevalence and genomic characterization of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky sequence type 198 circulating—Beijing municipality, China, 2016—2023 [J]. *China CDC Week*, 2024, 6(33): 825–833.
- [59] Benamrouche N, Belkader C, Deriet-Ammar A, *et al.* Genomic characterisation of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar Kentucky ST198 isolates from various sources in Algeria, North Africa [J]. *Microb Genom*, 2025, 11(11): 001581.
- [60] Lu X, Luo M, Wang M, *et al.* High carriage and

- possible hidden spread of multidrug-resistant *Salmonella* among asymptomatic workers in Yulin, China [J]. Nat Commun, 2024, 15: 10238.
- [61] Long M, Yu H, Chen L, *et al.* Recovery of *Salmonella* isolated from eggs and the commercial layer farms[J]. Gut Pathog, 2017, 9: 74.
- [62] Nadon C, Van Walle I, Gerner-Smidt P, *et al.* PulseNet International: Vision for the implementation of whole genome sequencing (WGS) for global food-borne disease surveillance [J]. Eurosurveillance, 2017, 22(23):30544.
- [63] Ribot E M, Freeman M, Hise K B, *et al.* PulseNet: Entering the age of next-generation sequencing [J]. Foodborne Pathog Dis, 2019, 16(7): 451-456.
- [64] Timme R E, Rand H, Sanchez Leon M, *et al.* GenomeTrakr proficiency testing for foodborne pathogen surveillance: An exercise from 2015 [J]. Microb Genom, 2018, 4(7):e000185.
- [65] Brown E, Dessai U, McGarry S, *et al.* Use of whole-genome sequencing for food safety and public health in the United States [J]. Foodborne Pathog Dis, 2019, 16(7): 441-450.
- [66] Kubota K A, Wolfgang W J, Baker D J, *et al.* PulseNet and the changing paradigm of laboratory-based surveillance for foodborne diseases [J]. Public Health Rep, 2019, 134(2_suppl): 22S-28S.
- [67] Rose E B, Steele M K, Tolar B, *et al.* Attribution of *Salmonella enterica* to food sources by using whole-genome sequencing data [J]. Emerg Infect Dis, 2025, 31(4): 783-790.
- [68] Munck N, Njage P M K, Leekitcharoenphon P, *et al.* Application of whole-genome sequences and machine learning in source attribution of *Salmonella* Typhimurium [J]. Risk Anal, 2020, 40(9): 1693-1705.
- [69] Guzinski J, Tang Y, Chattaway M A, *et al.* Development and validation of a random forest algorithm for source attribution of animal and human *Salmonella* Typhimurium and monophasic variants of S. Typhimurium isolates in England and Wales utilising whole genome sequencing data [J]. Front Microbiol, 2024, 14: 1254860.
- [70] Guzinski J, Arnold M, Whiteley T, *et al.* Comparison of three source attribution methods applied to whole genome sequencing data of monophasic and biphasic *Salmonella* Typhimurium isolates from the British Isles and Denmark [J]. Front Microbiol, 2024, 15: 1393824.
- [71] Bayliss S C, Locke R K, *et al.* Rapid geographical source attribution of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis genomes using hierarchical machine learning [J]. eLife, 2023, 12: e84167.
- [72] Teunis G, Dallman T J, Zajac M, *et al.* Attributable sources of the five most prevalent non-typhoidal *Salmonella* serovars across ten European countries [J]. J Infect, 2025, 91(5): 106632.
- [73] Rojas F, Ibacache-Quiroga C. A forecast model for prevention of foodborne outbreaks of non-typhoidal salmonellosis [J]. PeerJ, 2020, 8: e10009.
- [74] Garcia-Vozmediano A, Maurella C, Ceballos L A, *et al.* Machine learning approach as an early warning system to prevent foodborne *Salmonella* outbreaks in northwestern Italy [J]. Vet Res, 2024, 55: 72.
- [75] Cherrie M P C, Nichols G, Iacono G L, *et al.* Pathogen seasonality and links with weather in England and Wales: A big data time series analysis [J]. BMC Public Health, 2018, 18: 1067.
- [76] Tao D, Hu R, Zhang D, *et al.* A novel foodborne illness detection and web application tool based on social media [J]. Foods, 2023, 12(14): 2769.
- [77] Liang S, Mei S, Ji J, *et al.* DeepSANet: A deep learning approach for hierarchical geographical source attribution of *Salmonella* [J]. Food Res Int, 2025, 221: 117554.
- [78] Dyer N P, Päufer B, *et al.* Enterobase in 2025: exploring the genomic epidemiology of bacterial pathogens [J]. Nucleic Acids Res, 2025, 53(D1): D757-D762.
- [79] European Food Safety Authority (EFSA), European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union One Health 2024 zoonoses report [J]. EFSA J, 2025, 23(12): e9759.
- [80] Haynes E, Baird R, Gent L, *et al.* Coordinated surveillance of foodborne pathogens and antimicrobial resistance: insights from the PATH-SAFE pilot [J]. Future Microbiol, 2024, 19(16): 1355-1358.
- [81] Cui Q, Yang X, *et al.* Characterization and implications of the regionally prevalent ST8333 strains of *Salmonella enterica* serotype 4, [5], 12: i: — China, 2017—2023 [J]. China CDC Week, 2024, 6(47): 1232-1235.

(责任编辑:白林含)