



• 卫生检验前沿进展 •

微生物组与同一健康融合促进卫生检验的创新与发展*

杨瑞馥^{ID}

军事科学院军事医学研究院(北京 100071)

【摘要】 随着全球健康问题的日益复杂化和多维度化,微生物组学研究和同一健康理念及其二者的融合会积极推动卫生检验学领域的发展。微生物组作为人体、动物及环境中的必要组成部分,其研究不仅揭示了微生物与宿主之间的相互作用机制,还为人体、动物及环境福祉提供了不可替代的物质基础,为人类疾病的预防、诊断和治疗提供了新视角。与此同时,同一健康理念强调人、动物和环境健康的相互关联,为跨学科合作和全球健康管理提供了理论基础。微生物组和同一健康的融合,奠定了“动因平衡”作为支撑同一健康理念的科学理论,对卫生检验学新领域的拓展和新技术的发展,以及对公共卫生实践的影响意义深远。

【关键词】 微生物组 同一健康 动因平衡 卫生检验 公共卫生 综述

Integration of Microbiome Research and the One Health Approach Promotes Innovation and Development in Public Health Laboratory Sciences

YANG Ruifu^{ID}. Academy of Military Medical Sciences, Academy of Military Sciences, Beijing 100071, China

【Abstract】 As global health challenges become increasingly complex and multidimensional, microbiome research and the One Health approach—along with their integration—actively promote the development of the field of public health laboratory sciences. The microbiome is an essential component of the human body, animals, and the environment. Microbiome research not only elucidates the interaction mechanisms between microorganisms and their hosts but also provides an irreplaceable material basis for the well-being of humans, animals, and the environment, offering new perspectives for the prevention, diagnosis, and treatment of human diseases. Additionally, the One Health approach emphasizes the interconnectedness of human, animal, and environmental health, establishing a theoretical foundation for interdisciplinary collaboration and global health management. The integration of the microbiome and the One Health approach establishes the notion of "the balance of dynamic factors" as a scientific principle underpinning One Health. This integration holds far-reaching implications for expanding new fields and developing new technologies in public health laboratory sciences, as well as informing public health practices.

【Key words】 Microbiome One Health Balance of dynamic factors Public health laboratory sciences
Public health Review

随着科技的进步和对生命科学研究的深入,微生物组(microbiome)研究已成为现代医学和公共卫生领域的前沿方向。人类和微生物共同进化,形成了一个平衡的共生体,现代生活方式(如饮食、配方奶喂养等)破坏了这种进化平衡,导致多种疾病^[1]。微生物组是指存在于生物体或环境中的所有微生物及其遗传物质的集合,其研究不仅涵盖了对人体、动物和环境健康的影响,还揭示了微生物与疾病间的复杂关系。与此同时,“同一健康”(One Health)理念作为一种跨学科的研究框架,强调人、动物

和环境健康的相互关联性,为全球公共卫生治理提供了新的思路。

卫生检验学(public health laboratory sciences)作为公共卫生与预防医学领域的重要组成学科^[2],是一门专注于检测和评估生物、化学及物理因素对人类健康影响的学科,为卫生监督执法、疾病防控、卫生决策等提供科学依据。微生物组研究与同一健康理念的结合,不仅拓展了卫生检验学的研究范畴,还为疾病预防和控制奠定了科学基础。

本文旨在探讨微生物组研究和同一健康理念的融合对卫生检验领域从理论到技术创新发展机遇及其应用领域的拓展。

* 国家自然科学基金(No. 32394054)资助

出版日期: 2025-09-20

1 微生物组的研究启迪了卫生检验的新思路

人体各部位如肠道、口腔、皮肤等,动物体内和体表,以及环境中存在着种类繁多的微生物群落。在人体肠道中,就约有 10^{13} 个细菌,还有病毒、真菌和原虫等,这些微生物参与消化、营养素合成、免疫调节等重要生理过程^[3]。大量研究表明,微生物组的失衡与多种疾病相关。在人体中,肠道微生物组失衡与代谢紊乱、心脑血管疾病、恶性肿瘤、孤独症、抑郁、帕金森病、老年痴呆等重大疾病存在关联^[4]。在环境中,微生物组的变化反映着生态系统的健康状况,如土壤微生物组失衡可能影响植物生长和生态系统的稳定性。动物和媒介生物中共生的微生物可以跨种传播导致新发突发传染病的发生^[4-5]。微生物组研究为卫生检验带来了新的理念、新标志物 and 新技术,将为提升卫生检验水平和保障公共卫生安全提供科技支撑。

对病原体检测而言,传统卫生检验主要针对已知病原体,而微生物组研究发现特定微生物或微生物群落结构的变化与疾病或卫生状况的关联。如通过人体微生物组与疾病关联的研究,改变了我们过去“一种疾病由一种病原体导致的”的观念,很多慢性疾病的发生是由微生物组失衡所致。因此,提出了新概念“致病共栖菌谱(pathobionts)”^[6],即一种疾病与一个紊乱的微生物谱有关,这个致病共栖菌谱就是诊断和评估疾病或健康状态的新生物标志物;通过反向病原学的理念,可以对重要动物、生物媒介和环境微生物进行测序,获得潜在的病原谱,为疾病检测和监测提供新标志物^[7]。例如,通过检测肠道菌群中某些关键菌的丰度变化,可辅助诊断炎症性肠病、结直肠癌等疾病;以结直肠癌(colorectal cancer, CRC)相关的致病共栖菌谱的研究报道为例^[8-9],目前发现具核梭形杆菌、产肠毒素脆弱拟杆菌、聚酮合酶阳性大肠杆菌、厌氧消化链球菌、微小单胞菌(*Parvimonas micra*)、败毒梭菌(*Clostridium septicum*)、牙龈卟啉单胞菌(*Porphyromonas gingivalis*)、牛链球菌(*Streptococcus bovis*)、普通脱硫弧菌(*Desulfovibrio vulgaris*),乃至一些真菌、古菌和肠道病毒等与CRC发生发展有关,这些微生物或毒素基因均可作为诊断标志物发展CRC筛查与诊断的新技术。分析水体微生物组,可评估水质健康状况^[10-11]。对早獭肠道中的大肠杆菌进行分离和测序表明,其多样化的毒力基因库可能与人类致病大肠杆菌的进化有关,为致病性大肠杆菌的进化起源提供了新的认知^[12]。除了提供新的检测生物标志物外,高通量测序技术、大数据和人工智能分析技术的应用也推动了卫生检验领域技术与

方法的创新。这推动着卫生检验模式的转变,即从单一病原体检测向整体微生物组分析转变,通过综合评估微生物群落的结构与功能实现卫生检验危害检测与评估的目标。元基因测序可对样本中所有微生物的核酸进行分析,无需预先假设目标微生物,从而能快速准确检测出未知病原体。例如在饮用水卫生检验中,不再局限于检测大肠杆菌等传统指标菌,而是分析整个水体微生物组,从而更全面准确地评估水质安全性^[13-14]。在食品安全微生物的检验中,微生物组测序与分析会明显增强食品加工环境中食品安全管理体系的有效性^[15-16]。在感染性疾病诊断中,可检测出多种罕见病原菌,提高诊断准确性。最近一项报道,利用分析蛋白质序列和病毒RNA依赖性RNA聚合酶序列结构特征的深度学习算法,发现了180个病毒超群和16万余种全新RNA病毒,将已知病毒种类扩充了近30倍,开辟了发现潜在新病毒的一种全新的范式^[17]。

当然,我们还面临着微生物组数据的标准化、大数据的智能化分析、检验成本的控制、微生物组动态变化及其影响因素等多方面的挑战。通过多组学的整合研究、跨学科的合作研究、建立标准化的微生物组检测与数据分析流程以及降低测序成本等多方面的努力^[3],微生物组研究将在卫生检验领域发挥更为重要的作用,推动卫生检验学科的创新与发展。

2 同一健康理念拓展了卫生检验的跨学科合作和应用领域

在全球公共卫生形势日益复杂的当下,同一健康理念作为一种创新的跨学科策略,正逐渐成为应对复杂健康问题有效手段^[18]。该理念强调人类、动物和环境健康间的紧密联系,倡导跨学科、跨部门、跨地区的协同与合作,以实现整体健康效益的最大化。同一健康理念为卫生检验提供了更广阔的视野和更丰富的研究内容,促使卫生检验从单一领域向多领域拓展,从单纯的检测向综合分析 with 风险评估转变。另一方面,该理念也对卫生检验的技术、人才队伍和管理模式提出了更高的要求,需要卫生检验加强与其他学科的交叉融合,提升应对复杂健康问题的能力^[4,19]。

传统的卫生检验主要侧重于单一领域的检测^[20],在多因素健康问题的综合评估方面,传统的卫生检验往往将人类健康、动物健康和环境健康视为相对独立的领域,对三者间相互关系的综合考量不够^[3,19]。如食品卫生检验主要关注食品中的微生物、化学污染物等指标,而对动物健康影响食品安全和环境因素通过影响食物链而影响

食品质量和安全等方面的系统考量不足。在环境健康领域,传统卫生检验则重点监测空气、水、土壤等环境要素中的有害物质,难以全面评估环境变化对人类和动物健康的潜在影响。随着气候变化和生态环境的改变,一些新的环境健康问题不断涌现,如新兴污染物的出现、生态系统失衡导致的疾病传播风险增加等,传统卫生检验在应对这些复杂问题时,系统的分析方法和综合评估能力亟待加强。在面对新发传染病时,卫生检验不仅要对患者临床样本进行检测,以确定病毒的存在和传播情况,还要对环境样本如公共场所的空气、物体表面、污水等进行监测,以评估病毒在环境中的存活和传播风险^[21]。同时,通过对动物样本的检测,研究病毒在动物中的感染和传播情况,为疫情的溯源和防控提供重要依据。在食品安全领域,同一健康理念促使卫生检验更加关注食品生产、加工、流通等全链条的卫生安全^[22]。不仅要检测食品中的常规污染物,还要考虑到动物健康、环境因素对食品安全的影响。例如,动物饲料中的抗生素残留可能会通过食物链传递到人体,对人类健康造成潜在威胁;环境中的重金属污染可能会影响农作物的生长和品质,进而影响食品安全。在环境卫生领域,同一健康理念下的卫生检验更加注重生态系统的整体健康。通过对空气、水、土壤等环境要素的综合检测,评估环境变化对人类和动物健康的影响,为环境保护和生态修复提供科学依据^[23]。同一健康理念推动着卫生检验从传统的单一领域检测思维向整体健康思维转变,促使其实现多维度的革新,为其跨学科合作和应用领域拓展提供了全新方向。

在人才培养层面,同一健康理念要求卫生检验专业人才具备跨学科知识结构和综合能力,不仅要掌握卫生检验的专业技术,还需要具备医学、兽医学、环境科学、生态学等多学科的知识^[3]。需要了解动物疫病的防控知识,掌握环境科学中关于生态系统平衡和环境污染治理的原理,以及生态学中物种相互关系和生态位理论等。这样的复合型卫生检验人才才能与其他学科的专业人员进行有效的沟通和协作,构建一体化大数据和智能化分析系统^[3]。

在实践层面,同一健康理念下的卫生检验更加注重多部门、多领域的协同合作^[3]。在公共卫生事件防控中,卫生检验部门与医疗机构、动物防疫部门、环境监测部门等密切配合。例如,在禽流感或细菌感染疫情防控中,卫生检验部门负责对人类病例的检测和诊断,动物防疫部门对家禽养殖场进行病毒或细菌检测和疫情防控,环境监测部门对养殖场周边环境、水源等进行监测,各部门通过信息共享和协同工作,形成全方位的防控体系,有效

控制疫情的传播。例如,2019年在东莞一幼儿园发生的食物中毒事件调查中^[24],多部分协同,很快溯源到这起事件是由污染肠炎沙门氏菌的鸡蛋,这起成功溯源调查归功于同一健康理念下的多部门(疾控部门、市场部门、兽医部分和科研院所等)和多学科(微生物学、流行病学、公共卫生、基因组学、生物信息学等)协同合作,采用二代核酸测序对分离的菌株和样品的元基因组测序,实现了快速溯源(污染沙门氏菌的种鸡从河北输出到辽宁,孵出的鸡蛋从辽宁运送到广东集散地,再到东莞和深圳等地,因厨师违规操作,污染了三明治而导致的这起食物中毒事件的暴发)对成功的快速事件的处置提供了科学依据。这种协同合作,拓宽了卫生检验的应用领域,提高了系统解决复杂健康问题的能力^[19,21]。

在同一健康理念下,卫生检验跨学科合作虽然取得了一定成果,但也面临诸多挑战^[3]。学科壁垒是首要难题,不同学科拥有各自独特的知识体系、研究方法和术语表达。不同学科背景的人员在思维方式、工作习惯和交流方式上存在较大差异,使得跨学科团队在沟通协调时容易出现误解和冲突,降低工作效率。利益分配也是跨学科合作中不可回避的问题,在合作项目中,不同学科的参与方往往对项目的贡献程度不同,对成果的期望也存在差异。各领域的上级管理部门的政策限制和部门利益也给跨学科合作带来巨大挑战。因此,在跨学科合作中,需要建立全方位、多层次的有效沟通机制,建立跨学科联合培训项目以实现有效沟通和提高工作效率;制定合理的促进跨学科合作健康发展的可操作性方案。

同一健康理念会大大拓展卫生检验应用领域,如在食品安全检验中,促进从农田到餐桌的全链条食品安全监测体系与新技术的应用^[25-26]。对农产品而言,涉及种植过程中土壤、水和环境中危害物的检测与监测、食品加工环节中环境和食品添加剂、营养成分等的卫生检验、食品运输和储存环节的运输工具和储存环境的卫生条件监测,以及食品销售环节的销售场所卫生状况和食品保质期的检查,以确保消费者购买到安全的食品。在同一健康理念下,食品安全领域涌现出诸多新风险因子,对其检测成为保障食品安全的关键环节。如塑料的检验与危害评估,纳米新材在食品包装中向食品迁移的检测与危害评估等。

在突发公共卫生事件初期,卫生检验的快速检测能力对于控制疫情蔓延至关重要,而且在疫情等公共卫生事件的长期防控中,卫生检验对病原变异和传播趋势的监测具有不可替代的重要性^[21]。在生态系统健康评估中,生物多样性作为生态系统健康的关键指标之一,反映

了生态系统的稳定性和功能完整性^[27-28]。卫生检验运用多种技术手段对其进行分析,其中物种丰富度和均匀度的检测是重要的指标。水质是生态系统健康的重要检测指标,卫生检验对水质的检测涵盖多个指标^[14,22]。在生态修复效果评估中,卫生检验也会发挥重要作用,如矿山废弃地的生态修复中重金属的污染程度监测将为生态修复提供数据支撑^[28]。

随着科技的飞速发展,同一健康理念下的卫生检验将迎来更多机遇。人工智能、大数据、物联网等新兴技术将为卫生检验带来全新的发展思路和方法^[21,29]。在跨学科合作方面,卫生检验与医学、环境科学、兽医学等学科的合作将更加紧密,形成更加完善的协同创新机制。各学科之间应加强人才交流和联合培养,培养出更多具备跨学科知识和综合能力的复合型人才,以适应未来公共卫生领域的发展需求。同时,应加强国际间的跨学科合作,共同应对全球性的公共卫生挑战^[3]。在应用领域方面,卫生检验将在同一健康理念下不断拓展和深化,为保障人类、动物和环境的健康做出更大的贡献。

3 微生物组与同一健康的融合推动了卫生检验的创新发展

微生物组在同一健康策略实施中扮演着至关重要的桥梁角色,紧密连接着人类、动物和环境健康,成为三者互作的关键纽带^[3]。微生物组与同一健康的融合,为卫生检验带来了全新的思路和方法,推动其创新发展,对公共卫生领域影响深远。不仅助于我们制定更有效的危害防控策略,提高公共卫生管理的科学性和精准性;还会促进多领域的科学交叉与融合,培养复合型人才,推动公共卫生领域的科技创新和发展。

微生物组在人类、动物和环境之间存在着广泛的传播和交流,人类与动物在生活中密切接触,微生物可以通过直接接触、空气传播、食物传播等途径在它们之间传播^[3],并形成了一个复杂的生态网络,任何一个环节的变化都可能影响到其他环节的健康。人、动物和生态环境的健康依赖于它们之间及其与微生物组互作的平衡,即这些动态因素间的平衡是同一健康的理论基础,也是践行该理念的最高指导原则。这一“动因平衡(Balance of dynamic factors)”理论也是指导我们有效应对微生物组与同一健康融合所面临的新机遇与挑战^[3]。动因平衡理论认为,人类、动物及生态环境的健康状态是由多重动态互作因素共同驱动并维持的,这些因素包括生物(如病原体、宿主、微生物组)、物理(如气候、地理)、化学(如污染物)及社会行为(如土地利用、资源利用)等。健康并非

孤立存在,而是依赖于这些动态因素之间通过物质、能量与信息流动形成的相对稳定平衡状态;当某一或多个因素的强度、频率或相互作用模式发生显著变化(如病原体变异、栖息地破坏、抗生素滥用等),系统稳态被打破,可能导致健康风险或生态失衡。该理论强调健康是多维动态因素驱动,平衡是健康的基础,失衡是引发健康风险的始动因素,和跨学科方法识别关键动因并系统干预,以恢复系统性平衡,从而实现同一健康目标^[3]。动因平衡不仅为卫生检验指明了方向和目标,也为检验新的潜在健康风险靶标选择奠定了理论基础,对卫生检验的多维度综合检验、动态监测与预警、微生物组关联检验和跨学科的综合检验创新发展提供了新机遇;而且,卫生检验在实践中会为动因平衡理论提供了实证数据支持。

随着多学科交叉融合的不断深入,微生物组研究与医学、兽医学、环境科学、生态学、生物信息学等多个学科的合作更加迫切^[27]。在同一健康理念的指导下,微生物组研究应更加注重从整体生态系统的角度出发,深入探究微生物组在不同生态系统中的变化规律^[30]、功能和相互作用,为生态保护和可持续发展提供科学指导;微生物组研究应更加关注微生物组与人类健康、动物健康和环境健康的协同管理,建立微生物组监测体系,实时监测微生物组在不同生态系统中的动态变化,及时发现潜在的健康风险^[31]。在医学、食品、环境、农业、林业、进出口等领域,卫生检验都是保障公共卫生安全的重要环节,在维护人类健康和生态平衡方面发挥着不可或缺的作用。在整体生态系统健康目标的指引下,卫生检验还需克服检验效率、新风险因素检验与评估、未知病原体不断出现、环境因素变化的新要求、跨领域协作与数据共享难等诸多挑战,通过多学科合作,挖掘卫生检验的新型生物标志物、发展检验新技术、创建多组学和多模态大数据整合与分析新方法、建立微生物组检测技术与质控标准,促进卫生检验模式的转变,构建多部门合作的从源头到终端的全链条卫生检验体系,实现对微生物风险的全面防控,保障公共卫生安全。

不可忽视的是,微生物组与同一健康融合在卫生检验中也面临着伦理、法律和人才等方面的挑战^[3]。伦理与法律方面,微生物组研究中的隐私保护以及同一健康实践中的法律责任界定需要进一步明确和规范;人才与合作机制上,复合型专业人才的短缺和跨领域合作机制的不完善制约了深度融合与发展。完善伦理法规和加强复合型人才培养是推动微生物组与同一健康的融合在卫生检验领域可持续发展的重要举措。

未来,微生物组与同一健康的融合在卫生检验领域

前景广阔,有望在科学创新、技术发展、机制构建和多领域协同应用等多个方面取得实质性进展^[32]。微生物组与同一健康在解决全球性的公共卫生问题时,需要各国共同努力,分享研究成果和经验,加强技术合作和人才培养,共同应对全球性的公共卫生挑战^[33]。加强科普宣传,提高公众对微生物组与同一健康的认知,增强公众的健康意识和自我保护能力,营造良好的社会氛围,共同促进人类、动物和环境的一体健康。

综上所述,微生物组和同一健康理念的融合为卫生检验的发展注入了新的活力。通过理论创新、技术革新和跨学科跨领域合作,推动卫生检验在疾病防控、动物健康、环境保护和生态健康管理等多领域的协同应用。然而,未来仍面临诸多挑战,需要学术界和政策制定者的共同努力。

* * *

利益冲突 作者声明不存在利益冲突

Declaration of Conflicting Interests The author declares no competing interests.

参 考 文 献

- [1] SWAIN EWALD H A, EWALD P W. Natural selection, the microbiome, and public health. *Yale J Biol Med*, 2018, 91(4): 445-455.
- [2] 康维钧, 李磊. 我国高等卫生检验教育历史、现状与展望. *中国卫生检验杂志*, 2019, 29(19): 2431-2432.
- [3] ZHOU Y, XU Z, ZHANG H, *et al.* When the microbiome meets One Health principle: Leading to the Holy Grail of biology and contributing to overall well-being and social sustainability. *iMetaOmics*, 2024: e30.
- [4] ZHANG H, YANG L B, WANG T, *et al.* Microbiota, chronic inflammation, and health: the promise of inflammatome and inflammatomics for precision medicine and healthcare. *hLife*, 2025, 3(7): 307-326. doi: 10.1016/j.hlif.2025.04.004.
- [5] FEI Y, HUANG J. Unveiling disease X: strategies for tackling the new frontier of infectious diseases. *Zoonoses*, 2024: 4.
- [6] WU G, XU T, ZHAO N, *et al.* A core microbiome signature as an indicator of health. *Cell*, 2024, 187(23): 6550-6565. doi: 10.1016/j.cell.2024.09.019.
- [7] XU J. Reverse microbial etiology: a research field for predicting and preventing emerging infectious diseases caused by an unknown microorganism. *J Biosaf Biosecur*, 2019, 1(1): 19-21. doi: 10.1016/j.job.2018.12.005.
- [8] DONG Y, MENG F, WANG J, *et al.* *Desulfovibrio vulgaris* flagellin exacerbates colorectal cancer through activating LRRIC19/TRAF6/TAK1 pathway. *Gut Microbes*, 2025, 17(1): 2446376. doi: 10.1080/19490976.2024.2446376.
- [9] CHANG Y, HUANG Z, HOU F, *et al.* Parvimonas micra activates the Ras/ERK/c-Fos pathway by upregulating miR-218-5p to promote colorectal cancer progression. *J Exp Clin Cancer Res*, 2023, 42(1): 13. doi: 10.1186/s13046-022-02572-2.
- [10] GRUSZECKA-KOSOWSKA A, AMPATZOGLOU A, AGUILERA-GÓMEZ M. Microbiota analysis for risk assessment of xenobiotics: cumulative xenobiotic exposure and impact on human gut microbiota under One Health approach. *EFSA J*, 2022, 20(Suppl 2): e200916. doi: 10.2903/j.efsa.2022.e200916.
- [11] AMPATZOGLOU A, GRUSZECKA-KOSOWSKA A, AGUILERA-GÓMEZ M. Microbiota analysis for risk assessment of xenobiotics: toxicomicrobiomics, incorporating the gut microbiome in the risk assessment of xenobiotics and identifying beneficial components for One Health. *EFSA J*, 2022, 20(Suppl 2): e200915. doi: 10.2903/j.efsa.2022.e200915.
- [12] LU S, JIN D, WU S, *et al.* Insights into the evolution of pathogenicity of *Escherichia coli* from genomic analysis of intestinal *E. coli* of Marmota himalayana in Qinghai-Tibet plateau of China. *Emerg Microbes Infect*, 2016, 5(12): e122. doi: 10.1038/emi.2016.122.
- [13] PACCHIONI F, ESPOSITO A, GIACOBACCI E, *et al.* Air and waterborne microbiome of a pharmaceutical plant provide insights on spatiotemporal variations and community resilience after disturbance. *BMC Microbiol*, 2018, 18(1): 124. doi: 10.1186/s12866-018-1267-8.
- [14] FERRO P, MORALES E, TICONA E, *et al.* Water quality and phenotypic antimicrobial resistance in isolated of *E. coli* from water for human consumption in Bagua, under One Health approach. *Heliyon*, 2023, 10(1): e23961. doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e23961.
- [15] KUMAR A, BISHT A, SAMMARAMAQSOD, *et al.* The role of microbiome engineering in enhancing Food safety and quality. *Biotechnol Notes*, 2025, 6: 67-78. doi: 10.1016/j.biotno.2025.01.001.
- [16] KUAN S, CHIN N L, TEE T P, *et al.* Microbiome diversity in seafood factories via next-generation sequencing for Food Safety Management System (FSMS) certifications in Malaysia. *Foods*, 2025, 14(9): 1517. doi: 10.3390/foods14091517.
- [17] HOU X, HE Y, FANG P, *et al.* Using artificial intelligence to document the hidden RNA virosphere. *Cell*, 2024, 187(24): 6929-6942. e16. doi: 10.1016/j.cell.2024.09.027.
- [18] PARK S M, CHOI C, RHEE M S. One Health approach for prioritization of potential foodborne pathogens: risk-ranking, Delphi survey, and criteria evaluation pre- and post-COVID-19 pandemic. *Compr Rev Food Sci Food Saf*, 2024, 23(1): e13258. doi: 10.1111/1541-4337.13258.
- [19] TEGEGNE H A, FREETH F T A, BOGAARDT C, *et al.* Implementation of One Health surveillance systems: opportunities and challenges - lessons learned from the OH-EpiCap application. *One Health*, 2024, 18: 100704. doi: 10.1016/j.onehlt.2024.100704.
- [20] GAO P, MD SHAARANI S, MOHD NOOR N Q I. Recent advances in inspection technologies of food safety health hazards for fish and fish products. *Crit Rev Food Sci Nutr*, 2025, 65(6): 1109-1125. doi: 10.1080/10408398.2023.2289077.
- [21] SINGH S, SHARMA P, PAL N, *et al.* Holistic one health surveillance framework: synergizing environmental, animal, and human determinants for enhanced infectious disease management. *ACS Infect Dis*, 2024, 10(3): 808-826. doi: 10.1021/acscinfecdis.3c00625.
- [22] DAS M, ALBERT V, DAS S, *et al.* An integrated FoodNet in North East India: fostering one health approach to fortify public health. *BMC Public Health*, 2024, 24(1): 451. doi: 10.1186/s12889-024-18007-w.
- [23] WU C, ZHU R, LU Y, *et al.* Editorial: Three-way interactions between host, environment, and microbiome: importance of microbiology in the One Health. *Front Microbiol*, 2023, 14: 1177119. doi: 10.3389/fmicb.2023.1177119.
- [24] JIANG M, YANG C, KWAN P S L, *et al.* Rapid multilateral and integrated public health response to a cross-city outbreak of *Salmonella enteritidis* infections combining analytical, molecular, and genomic epidemiological analysis. *Front Microbiol*, 2022, 13: 772489. doi: 10.3389/fmicb.2022.772489.
- [25] YAN Y, MAO Z, WANG X, *et al.* From farm to table: assessing the status and health risk assessment of heavy metal pollution in rice in Henan Province. *Front Public Health*, 2025, 13: 1499653. doi: 10.3389/fpubh.2025.1499653.
- [26] NYOKABI N S, PHELAN L, GEMECHU G, *et al.* From farm to table: exploring food handling and hygiene practices of meat and milk value chain actors in Ethiopia. *BMC Public Health*, 2023, 23(1): 899. doi: 10.1186/s12889-023-15824-3.
- [27] ZEIGLER M K, VANDER WYST K B. Microbial associations and transfers across the One Health Triad effects on human and animal adiposity and temperament: a protocol for an observational pilot study. *Front Public*

- Health, 2023, 11: 1225188. doi: [10.3389/fpubh.2023.1225188](https://doi.org/10.3389/fpubh.2023.1225188).
- [28] ZINSSTAG J, SCHELLING E, WALTNER-TOEWS D, *et al.* From "One Medicine" to "One Health" and systemic approaches to health and well-being. *Prev Vet Med*, 2011, 101(3/4): 148-156. doi: [10.1016/j.prevetmed.2010.07.003](https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2010.07.003).
- [29] KUMAR P, SINHA R, SHUKLA P. Artificial intelligence and synthetic biology approaches for human gut microbiome. *Crit Rev Food Sci Nutr*, 2022, 62(8): 2103-2121. doi: [10.1080/10408398.2020.1850415](https://doi.org/10.1080/10408398.2020.1850415).
- [30] NÚÑEZ A, GARCÍA A M, MORENO D A, *et al.* Seasonal changes dominate long-term variability of the urban air microbiome across space and time. *Environ Int*, 2021, 150: 106423. doi: [10.1016/j.envint.2021.106423](https://doi.org/10.1016/j.envint.2021.106423).
- [31] SUN Z, LIU X, JING G, *et al.* Comprehensive understanding to the public health risk of environmental microbes via a microbiome-based index. *J Genet Genomics*, 2022, 49(7): 685-688. doi: [10.1016/j.jgg.2021.12.011](https://doi.org/10.1016/j.jgg.2021.12.011).
- [32] WILKINSON J E, FRANZOSA E A, EVERETT C, *et al.* A framework for microbiome science in public health. *Nat Med*, 2021, 27(5): 766-774. doi: [10.1038/s41591-021-01258-0](https://doi.org/10.1038/s41591-021-01258-0).
- [33] GOMEZ A. Heritable oral microbes and their importance in microbiome research for public health. *Cell Host Microbe*, 2022, 30(4): 439-443. doi: [10.1016/j.chom.2022.03.005](https://doi.org/10.1016/j.chom.2022.03.005).

(2025-06-06收稿, 2025-08-13修回)

编辑 刘华



开放获取 本文使用遵循知识共享署名—非商业性使用 4.0 国际许可协议 (CC BY-NC 4.0), 详细信息请访问

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>。

OPEN ACCESS This article is licensed for use under Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International license (CC BY-NC 4.0). For more information, visit <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>.

© 2025 《四川大学学报(医学版)》编辑部

Editorial Office of *Journal of Sichuan University (Medical Sciences)*