DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260301001
引用格式: 袁铨, 许瑞琪, 刘瑞. 人工智能赋能食源性致病微生物的新型检测技术研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(12):11–22.
YUAN Q, XU RQ, LIU R, *et al*. Research progress on novel detection technology of foodborne pathogenic microorganisms with artificial intelligence [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(12): 11–22. (in Chinese with English abstract).

人工智能赋能食源性致病微生物的新型检测技术研究进展

袁　铨, 许瑞琪, 刘　瑞*

(中国人民公安大学侦查学院, 北京　100083)

摘　要: 食源性致病微生物是引发食品安全事件与公共卫生风险的主要因素, 传统检测方法在检测周期、灵敏度及复杂基质适应性方面存在局限, 难以满足现代食品供应链对快速、高通量与智能化监测的需求。人工智能(artificial intelligence, AI)技术的快速发展为微生物检测体系的转型升级开辟了新的技术路径。本文围绕分子生物学检测、光谱分析技术与质谱检测技术 3 大方向, 系统梳理了 AI 在食源性致病微生物检测中的应用进展, 重点阐述机器学习与深度学习算法在扩增信号解析、光谱特征提取、质谱数据挖掘及多源信息融合中的作用机制与技术效果。分析表明, AI 的引入有效提升了检测系统的灵敏度、特异性与自动化水平, 加速了检测模式由实验室分析向现场快速筛查与智能预警的转变。与此同时, 本文指出当前研究在标准化数据集构建、模型泛化能力验证、算法可解释性及跨平台数据融合标准等方面仍面临不足, 并从数据治理、监管适配与产业协同等角度提出了未来发展建议。本文旨在为食品安全领域智能化检测体系的整合与优化提供系统性的文献参考与理论支撑。

关键词: 食源性致病微生物; 人工智能; 机器学习; 深度学习; 光谱分析; 质谱技术; 多模态融合; 食品安全

Research progress on novel detection technology of foodborne pathogenic microorganisms with artificial intelligence

YUAN Quan, XU Rui-Qi, LIU Rui*

(*College of Investigation*, *People's Public Security University of China*, *Beijing* 100083, *China*)

ABSTRACT: Foodborne pathogenic microorganisms are the primary causative agents of food safety incidents and public health risks. Traditional detection methods exhibit limitations in detection cycle, sensitivity, and adaptability to complex matrices, failing to meet the modern food supply chain's demands for rapid, high-throughput, and intelligent monitoring. The rapid advancement of artificial intelligence (AI) technology has opened new technical pathways for the transformation and upgrading of microbial detection systems. This article systematically reviewed the application

收稿日期: 2026-03-01
基金项目: 中国人民公安大学 2025 年度研究生课程建设项目(2025yjskcjs014)
第一作者: 袁铨(2001—), 女, 主要研究方向为食品安全检测技术。E-mail: cyyq2001@163.com
***通信作者:** 刘瑞(1987—), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为食品安全检测技术。E-mail: liurui1987110@126.com

progress of AI in the detection of foodborne pathogenic microorganisms, focused on 3 major directions: Molecular biology detection, spectral analysis techniques and mass spectrometry detection. It highlighted the functional mechanisms and technical effects of machine learning and deep learning algorithms in amplification signal analysis, spectral feature extraction, mass spectrometry data mining and multi-source information fusion. The analysis indicated that the introduction of AI had effectively enhanced the sensitivity, specificity and automation level of detection systems, accelerating the transition from laboratory analysis to on-site rapid screening and intelligent early warning. Meanwhile, this article identified the current deficiencies in standardized dataset construction, model generalization capability verification, algorithm interpretability and cross-platform data fusion standards, and proposed future development recommendations from the perspectives of data governance, regulatory adaptation and industrial collaboration. This article aims to provide systematic literature reference and theoretical support for the integration and optimization of intelligent detection systems in the field of food safety.

KEY WORDS: foodborne pathogenic microorganisms; artificial intelligence; machine learning; deep learning; spectral analysis; mass spectrometry; multimodal fusion; food safety

0 引 言

食源性致病微生物污染是引发食品安全事件和公共卫生危机的主要因素之一, 对全球食品供应链与公众健康构成持续威胁[1]。随着食品工业化和流通体系复杂化, 病原微生物污染呈现传播链条延长与风险隐蔽性增强等特征[1–2]。因此, 构建快速、灵敏且适用于复杂基质的检测体系已成为食品质量安全领域的核心任务。

传统培养法虽具有较高可靠性, 但检测周期长、效率低[2]; 分子生物学技术如聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)及全基因组测序显著提高了检测灵敏度与溯源能力[3]; 光谱与质谱技术则为非破坏性、高通量筛查提供了新路径。然而, 这些技术普遍产生高维、非线性且易受背景干扰影响的数据。具体而言, 这类数据往往一次性包含成千上万个特征变量(如海量的光谱波段或测序序列)。同时, 复杂样本基质(如水分、多糖、多酚等)不仅会造成强烈的信号重叠与背景基线漂移, 还会导致检测信号与目标物含量之间呈现复杂的非线性关系。面对这种变量庞大、信噪比低且特征关系错综复杂的数据, 传统的单变量统计或简单线性回归方法难以有效剔除基质噪声并实现多维特征的联合提取, 从而难以充分挖掘其潜在信息。人工智能技术(artificial intelligence, AI)在高维数据建模与模式识别方面的优势, 为复杂信号解析提供了有效的计算手段。检测领域的扩增曲线判读[4]、基因组风险预测[5–6]以及光谱与质谱特征提取[7], 显著提升了检测精度与自动化水平。然而, 当前研究多局限于单一技术平台, 缺乏跨技术整合与方法学。

总体而言, AI 在食源性致病微生物检测领域的深度应用仍存在 3 方面核心瓶颈: 高维异构数据缺乏统一解析框架, 模型泛化能力不足, 以及跨平台数据融合缺乏标准体系。这些问题制约了 AI 由单点工具应用向系统化检测方案的转型。本文系统梳理 AI 在分子生物学、光谱分析与质谱检测等不同技术中的应用进展, 提炼其共性赋能机制, 搭建跨技术比较框架, 并从数据治理、监管适配与产业协同等维度提出未来发展路径, 以期为食品安全智能监测体系的整合与优化提供理论依据。

1 AI 赋能分子生物学检测技术

1.1 AI 赋能 PCR 及其衍生技术检测食源性致病微生物

PCR 及其衍生技术是分子生物学检测的重要技术手段, 通过特异性引物识别目标微生物的保守基因序列并结合热循环扩增, 实现对微量病原体的灵敏检测。为满足多样化分析需求, PCR 的衍生技术在功能上持续细化: 多重 PCR 通过整合多对引物提升检测通量; 反转录 PCR 主要用于 RNA 病毒的逆转录扩增; 实时定量 PCR 借助荧光探针或染料实现扩增过程的实时监测; 数字 PCR 将反应体系物理分割为数万个独立微滴或微室进行单分子平行扩增, 实现了无需标准曲线的绝对定量, 在应对复杂食品基质时表现出更强的抑制物耐受性。

面对高通量需求与复杂食品基质, 传统 PCR 技术在数据解析环节常面临人工判读误差大、易受背景荧光干扰等问题。通过机器学习与深度学习架构, 能够自动提取扩增曲线与荧光信号中的非线性特征, 如扩增起始拐点的斜率变化、荧光衰减动力学参数及多通道信号间的协方差结构等。IRKHAM 等[4]研究表明, 利用算法对检测图像与动力学信号进行高通量筛查, 在临床疾病早期诊断中表现出较高特异性, 该模式识别方法也可应用于食源性病原体核酸信号解析, 通过自动识别扩增特征减少人为设定荧光阈值带来的主观偏差。

智能算法在特征信号提取方面的应用有助于缓解传统多重核酸检测中硬件物理通道的限制。在常规实时定量 PCR 分析中, 荧光基团的光谱重叠现象制约了同步检测靶标的数量。MONIRI 等[8]构建了基于机器学习的分类算法, 在单一或有限荧光通道内实现了沙门氏菌、单核细胞增生李斯特菌及大肠杆菌 O157:H7 等不同食品基质污染菌的区分, 该数据驱动的单通道多路复用策略在不增加光学硬件成本的条件下提升了靶标检测容量与准确率。

在数字 PCR 技术应用中, 处理肉类或乳制品等富含蛋白质与脂质的复杂食品样本时, 微滴生成过程常伴随基质杂质引起的形态畸变或背景荧光激增, 易导致假阳性结果。引入卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)等计算机视觉模型可实现海量微滴图像的语义分割与归类。SONG 等[9]研究表明, 深度学习网络能够从低信噪比的暗场或荧光图像中准确识别含有大肠杆菌 O157:H7 核酸的阳性微滴, 并自动剔除由食品残渣或液滴尺寸异常引发的假阳性信号, 该方法的量化精度与数据处理速度接近大型商用流式读取设备(即利用微流控与流式细胞术原理逐一读取微滴荧光信号的标准数字 PCR 分析仪, 如 Bio-Rad QX200 系统), 显著提高了痕量致病菌绝对定量的自动化水平。

1.2　AI 赋能 DNA 指纹图谱技术检测食源性致病微生物

DNA 指纹图谱技术通过检测微生物基因组中特定的重复序列或多态性区域提取独特的遗传标记[10–11], 属于菌株分型、鉴定及流行病学追踪的核心手段。此类方法主要通过分析扩增产物的片段大小与分布模式, 实现对食源性致病微生物的区分。但应当看到, 传统指纹图谱解析高度依赖人工判读, 在面对背景噪声干扰、条带扭曲及复杂图像比对时, 往往存在主观性强、标准化程度低等局限。

人工智能技术的引入为 DNA 指纹图谱的自动化处理与模式识别提供了优化路径。以肠道细菌重复基因间共有序列 PCR 和随机扩增多态性 DNA (random amplified polymorphic DNA, RAPD)产生的复杂指纹图谱为例, 机器学习算法能够对凝胶电泳图像进行自动归类与管理, 显著提升了大规模样本的判读效率[12–13]。底层图像特征提取技术的演进, 使得算法能够自适应校正电泳跑偏或光照不均导致的图像畸变, 确保了不同批次数据间的可比性。机器学习算法在基于指纹图谱的食源性致病微生物溯源追踪(microbial source tracking, MST)中表现出较强的分类与预测能力。LABRADOR 等[14]在针对环境样本中大肠杆菌污染源的判别研究中发现, 相较于传统的统计学判别分析, 随机森林(random forest, RF)算法在处理类别不平衡的多源指纹库时表现出更高的鲁棒性, 能够以超过 84%的准确率识别出污染源。

这种“指纹特征提取+智能分类”的集成策略, 为农业水质监测与食品供应链的污染源快速锁定提供了定量化的决策工具。在复杂交叉污染场景下, AI 能够从看似混乱的带型分布中挖掘出细微的聚类规律, 区分出家禽、畜牧或生活污水等不同的污染贡献率。随之而来的是检测流程的自动化升级, 智能系统能够实现从原始图像输入到污染源判定结果输出的端到端处理。这一转型不仅降低了对资深技术人员经验的依赖, 更为建立区域性的微生物遗传指纹数据库提供了标准化的解析框架。针对食品加工环境中的持久性致病菌监控, 结合长短期记忆网络等时间序列预测工具, 能够对环境定殖菌的扩散动态进行建模, 提升了风险预警的时效性。

1.3　AI 赋能等温扩增技术检测食源性致病微生物

核酸序列依赖性扩增(nucleic acid sequence-based amplification, NASBA)、链置换扩增(strand displacement amplification, SDA)、滚环扩增(rolling circle amplification, RCA)及环介导等温扩增(loop-mediated isothermal amplification, LAMP)、等温核酸扩增技术(isothermal nucleic acid amplification technologies, inaATs)构建了食源性致病微生物快速检测的技术基石。此类技术通过特异性酶系在恒温条件下实现靶标核酸的指数级扩增, 有效克服了传统方法对精密热循环仪器的依赖。

然而, 传统等温扩增技术在结果判读方面仍面临挑战。常规的终点法常依赖肉眼观察浊度、显色变化或简易荧光信号, 易受环境光照条件、观察者主观差异及食品基质本底颜色的干扰, 导致结果判读存在不确定性, 而机器学习算法能够对扩增过程中的光学信号进行高维特征提取, 识别肉眼难以察觉的微弱色度变化或荧光动力学模式, 从而显著降低复杂样本检测中的假阳性率与假阴性率[15–16]。

在基于比色 LAMP 的现场即时检测(point-of-care testing, POCT)场景中, AI 算法与智能终端的结合实现了检测结果的标准化判读。MEZGEBO 等[17]开发了一种基于智能手机的检测系统, 集成了先进的目标检测算法(you only look once, YOLO)。该系统能够从复杂的背景图像中精准定位反应管, 提取红、绿、蓝(red green blue, RGB)色彩空间的特征值并进行光照校正, 利用训练好的神经网络模型对沙门氏菌等致病菌的扩增显色结果进行二元分类。该“等温扩增+智能终端+AI”的集成模式在不同光照环境下均能保持极高的鲁棒性, 分类准确率超过 97%。在基于微流控的数字扩增体系中, CHEN 等[18]提出了一种名为基于深度学习的多分散乳液数字 LAMP 技术(deep learning-enabled polydisperse emulsion-based digital LAMP, Deep-dLAMP)的深度学习模型, 利用 CNN 处理由常规显微设备或手机镜头获取的多分散乳液微滴图像。该算法不仅能自动识别微滴的几何边界与荧光状态, 还能有效区分扩增信号与背景

噪声, 实现了对极低拷贝数致病菌核酸的精准绝对定量。

综上, 人工智能在分子生物学检测体系中的核心赋能机制主要体现在以下 4 个共性层面: (1)在高维信号解析与自动特征提取层面, 针对扩增曲线、熔解曲线、基因组序列及指纹图谱等复杂数据结构, 不同 AI 算法的底层模型结构决定了其特定的适用边界与赋能场景。具体而言, CNN 凭借其独特的局部感受野与权重共享机制, 在捕获数据空间拓扑特征方面极具优势, 因此被广泛作为解析数字 PCR 微滴图像、DNA 凝胶电泳图谱的基座模型; 循环神经网络及其长短期记忆变体通过内在的门控记忆机制, 擅长捕捉数据帧之间的长期时序与上下文依赖, 是解析实时荧光扩增动力学曲线与全基因组测序(whole genome sequencing, WGS)长链碱基序列的理想选择; 而以极端梯度提升(extreme gradient boosting, XGBoost)为代表的集成算法, 基于节点分裂与残差拟合原理, 能够自动量化特征重要性, 对存在缺失值与高维稀疏性的结构化表格数据(如多重引物检测组合矩阵)具有极强的解析鲁棒性。依托上述算法原理与检测场景的精准匹配, AI 得以实现非线性特征自动提取, 根本上减少了人工阈值设定带来的主观偏差; (2)噪声抑制与复杂基质抗干扰增强, 在 PCR 扩增背景荧光、微滴图像噪声及 WGS 高维冗余序列中, AI 通过降维、特征优选与语义分割技术提高信噪比与检测稳定性; (3)在从定性判读向定量预测转变层面, 数字 PCR、数字 LAMP 与 WGS 耐药预测模型中, AI 实现了由“是否存在”向“拷贝数、表型、风险概率”等连续变量预测的拓展; (4)在检测结果向风险预测与溯源延伸层面, 通过整合分子检测结果与环境元数据, 构建污染概率预测与来源判别模型, 推动分子检测从终端确证向前端预警体系升级。因此, 在分子检测领域, AI 的本质作用不仅是提升识别准确率, 更是重构了数据解析逻辑与风险决策模式。表 1 归纳了当前常用于食源性致病微生物检测的 inaATs 及其与 AI 的集成策略, 从核心原理、适用靶标、AI 介入环节及技术优势等维度进行了系统对比, 为不同检测场景下技术路线的选择提供参考。

2 AI 赋能光谱检测技术

2.1 AI 赋能红外光谱及其衍生技术检测食源性致病微生物

红外光谱(infrared, IR)及其衍生技术如近红外光谱(near infrared, NIR)基于分子振动与转动对特定波段辐射的吸收特性, 能够无损、快速地获取食源性致病微生物的物理化学信息。由于食品基质成分复杂且常伴有强烈的背景干扰, 原始光谱信号通常存在基线漂移与特征峰重叠现象, 人工智能技术的引入, 为光谱数据的降维去噪与模式识别提供了高效的计算框架, 改善了目标病原体特征提取的可靠性。

在属种鉴定与血清型分型中, 传统的生化试验及分子分型通常耗时较长, 而傅里叶变换红外光谱(Fourier transform infrared spectroscopy, FT-IR)结合支持向量机(support vector machine, SVM)等模型能够快速捕捉细胞壁成分的微观变化。FREDES-GARCÍA 等[19]针对沙门氏菌(*Salmonella enterica*)的分型研究表明, 利用机器学习模型对 FT-IR 光谱中多糖与脂质体区域的指纹特征进行层次分类训练, 能够在数小时内实现从属种水平到特定血清型的划分。这种基于多维度特征融合的光谱分类策略, 若结合气相色谱-质谱法(gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)等代谢物图谱进行交叉验证, 可进一步提升生物标志物识别的准确度, 为流行病学溯源提供高通量的数据支持[20]。

表 1 常用于食源性致病微生物检测的 inaATs 及其 AI 集成策略

Table 1 **Detection of foodborne pathogenic microorganisms for major inaATs and integration strategies of AI**

扩增技术	核心原理与特点	适用靶标类型	AI 主要介入环节	技术优势	适用边界与局限性	参考文献
LAMP	利用多对引物(4~6 条)及链置换活性 DNA 聚合酶; 扩增效率极高, 产物量大	DNA/RNA (RT-LAMP)	比色图像分类、实时浊度/荧光曲线特征提取、终点判读	降低人眼对微弱颜色变化的误判; 实现智能手机端的 POCT 应用	易受非标光照与基质背景颜色干扰, 需严格色彩校正; 难以解析多重显色信号	[17]
NASBA	模拟体内逆转录过程, 主要针对 RNA 进行扩增; 由 T7 RNA 聚合酶驱动	RNA(如 RNA 病毒、mRNA)	实时荧光动力学分析、背景噪声滤除	提高对痕量 RNA 病毒检测的灵敏度; 区分活死菌(基于 mRNA)	高度依赖高质量实时动力学数据; 受基质抑制引发的扩增延迟易导致预测模型失效	[15–16]
数字 LAMP	将反应体系物理分割为微滴; 基于泊松分布实现绝对定量	DNA/RNA	计算机视觉(CNN): 微滴识别、边缘检测、荧光状态二元分类	实现无需标准曲线的绝对定量; 解决微滴重叠与基质荧光干扰问题	图像处理算力需求高; 极端浓度下的微滴重叠或畸变会导致分割与定量偏差	[18]
RCA/SDA	锁式探针成环或限制性内切酶切口延伸; 适合特定短序列扩增	DNA (SNP/STR 位点)	信号增强算法、多重信号解卷积	辅助进行 SNP 分型与耐药基因鉴定; 提高微弱信号的信噪比	仅限短序列; 处理高度重叠信号的多重解卷积算法易陷入局部最优或过拟合	[15–16]

注: 单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP); 短串联重复序列(short tandem repeat, STR)。

光谱成像技术与深度神经网络的结合, 将检测范围从纯化培养物拓展至复杂固态食品基质的原位分析。BAI 等[21]在针对生鲜羊肉表面病原菌污染的研究中, 引入一维卷积神经网络(one-dimensional convolutional neural network, 1D-CNN)对近红外反射光谱进行深层特征挖掘, 该模型有效抑制了基质背景噪声, 通过识别致病菌代谢引起的微观理化成分变化, 原位区分了大肠杆菌、鼠伤寒沙门氏菌和金黄色葡萄球菌的污染状态。该方法避免了显微尺度的破坏性取样, 为肉类供应链的早期风险筛查提供了无损监控途径。

2.2　AI 赋能拉曼光谱及其衍生技术检测食源性致病微生物

拉曼光谱技术通过检测分子非弹性散射产生的振动光谱, 获取微生物细胞特有的分子指纹信息, 是实现菌种快速鉴定的重要光学手段。针对常规拉曼光谱信号较弱的局限, 表面增强拉曼光谱(surface-enhanced Raman scattering, SERS)利用金、银等纳米材料激发局域表面等离子体共振效应, 将拉曼散射信号呈指数级放大, 使检测灵敏度达到单细胞水平; 差分拉曼光谱则通过特定算法削弱背景荧光, 进一步提升谱图信噪比。

由于食源性致病菌的生化组成具有高度相似性, 其拉曼光谱往往表现出复杂的高维特征与重叠峰型。依托卷积神经网络、生成对抗网络及 SVM 等算法, 能够有效克服光谱差异性大及样本量不足的问题[22]。

不同致病菌及其血清型之间的结构相似性常导致 SERS 信号高度重叠, 增加了多菌落混合污染解析的难度。HE 等[23]提出了一种双尺度卷积神经网络架构用于食源性病原体及其血清型的快速筛查, 该模型通过同步提取拉曼光谱的局部特征峰与全局分布模式, 克服了生化成分高度相似带来的分类障碍。

而对于传统的刚性 SERS 基底难以贴附于生鲜肉类或果蔬的粗糙表面, 容易影响现场采样效率的问题, WANG 等[24]开发了基于柔性聚合物的 SERS 传感基底, 实现了对食品表面痕量致病菌的无损擦拭与捕获, 并结合机器学习算法有效滤除了由柔性基底形变及复杂食品基质引发的强背景噪声。这种“柔性原位采样+无标记智能解析”模式在免除核酸提取与烦琐预处理的条件下, 实现了对大肠杆菌和金黄色葡萄球菌的分类, 推动了拉曼光谱技术向现场即时筛查的实用化转化。

2.3　AI 赋能三维荧光光谱检测食源性致病微生物

三维荧光光谱技术(excitation-emission matrix, EEM)通过对激发和发射波长进行二维扫描, 获取样品的全光谱发射信息。该技术利用微生物细胞及其代谢产物中特有的内源性荧光物质[氨基酸、核酸、辅酶烟酰胺腺嘌呤二核苷酸(nicotinamide adenine dinucleotide, NADH)和黄素腺嘌呤二核苷酸(flavin adenine dinucleotide, FAD)等]的光谱特征, 是实现病原体非破坏性快速分析的重要手段。

在处理生鲜农产品等含有强背景荧光的复杂基质时, 机器学习算法与特异性生物元件的结合展现出较强的抗干扰能力。PHOTHAWORN 等[25]在针对新鲜菠菜匀浆中活体大肠杆菌的检测研究中, 引入 T7 噬菌体特异性侵染技术并结合 EEM 光谱进行动态监测, 通过采用高斯过程分类器与 SVM 等机器学习模型, 对活体大肠杆菌被噬菌体裂解后释放的内源性荧光特征变化进行特征提取与降维, 该数据处理策略有效滤除了菠菜基质中叶绿素等天然荧光的强背景干扰。

此外, 针对多种致病菌快速鉴别与分类的分析需求, 平行因子分析(parallel factor analysis, PARAFAC)与机器学习模型的联合应用提高了三维荧光信号的解析精度。SUNDARAMOORTHY 等[26]利用 PARAFAC 算法对高度重叠的 EEM 光谱进行数学解卷积, 分离出细菌特有的 4 种内源性荧光代谢物(如 NADH 和 FAD)的独立分布光谱, 随后将降维后的高纯度特征矩阵输入线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)和多层感知机(multilayer perceptron, MLP)等 AI 分类器中进行模式识别。该无标记检测策略在无需外源荧光探针及冗长培养的条件下, 实现了对多种代表性食源性致病菌在属和种级别的高通量自动化区分, 提升了多重微生物交叉分类的准确率。

2.4　AI 赋能高光谱检测食源性致病微生物

高光谱成像技术(hyperspectral imaging, HSI)整合了光学成像与光谱分析, 能够同步获取目标区域的二维空间分布与一维连续光谱信息, 从而形成包含丰富理化属性的三维数据立方体, 但高光谱数据极高的维度与相邻波段间的高度冗余性, 对传统的数据处理方法构成了严峻的计算挑战。

针对微观尺度的病原体检测, 高光谱显微成像(hyperspectral microscopic imaging, HMI)结合深度学习实现了病原体的无损鉴别。KANG 等[27]构建了基于空间-光谱联合架构的 3D-GhostNet 模型, 通过卷积块注意力机制(convolutional block attention mo dule, CBAM)从三维数据中提取深层特征。在无需任何荧光或同位素化学标记的条件下, 该模型实现了对多种常见食源性致病菌的单细胞高精度分类, 其准确率显著优于仅基于一维光谱特征的传统分类器(线性判别分析或 1D-CNN), 为细胞级别的病原体无损鉴别提供了技术方案。

在宏观高通量筛查层面, 智能高光谱成像技术优化了传统微生物培养与生化鉴定的繁杂流程, FENG 等[28]利用 DNN-SVM 融合模型对微孔板中的液态致病菌进行非接触式扫描, 通过识别细微的光谱指纹差异, 在独立测试集中实现了超过 98%的预测准确率。这种“批量扫描+智能解析”模式在数十分钟内即可完成多样本的同步定性筛查,

有效缩短了传统琼脂平板培养的检测周期, 展现出在食品加工流水线在线监控中的适用性。

2.5 AI 赋能多波长投射与多光谱技术检测食源性致病微生物

多波长投射光谱技术与多光谱传感技术通过获取样品在多个特定波段的光学响应, 反映食源性致病微生物的光谱响应特征。该类技术依赖不同病原微生物内部生化组分在特定波段的特征吸收规律, 实现菌种识别与浓度反演。随着检测维度的增加与食品基质干扰的凸显, 传统线性分析方法在处理宽频段、多组分重叠光谱时常面临计算效率低和基线漂移等问题。

人工智能算法能够自适应提取关键光谱特征, 优化海量多波段数据的解析流程, 在多组分混合污染体系中实现对目标病原体的提取与预测[29−30]。ZHU 等[31]开发了融合多波长透射与荧光发射的双模式显微光谱检测系统, 并构建了基于深度神经网络的多分支混合解析网络(multi-branch network, MB-Net), 该深度学习模型能够同步处理并解析卷积混合样本中的透射与发射光谱特征矩阵, 在不依赖物理分离预处理的条件下, 实现了对含有 4 种致病菌混合体系的定性识别, 并同步完成了各菌种混合比例及绝对浓度的定量预测。

多光谱成像结合机器学习算法已应用于食品供应链初级生产与原料分选环节中致病菌及相关生物毒素的快速筛查。将多光谱相机与卷积神经网络相集成的监测平台部署于食品加工流水线, 能够实时捕获产品表面的光谱特征, 通过即时判断微生物污染程度指导自动化清洁与杀菌, 降低了人工抽检的滞后性, 提升了生产全流程的安全性[32]。

综合红外光谱、拉曼光谱、三维荧光光谱、高光谱成像及多光谱技术的应用实践, AI 在光学检测体系中的共性赋能机制可归纳为: (1)高维光谱数据降维与特征波段优选, 光谱信号的解析高度依赖算法对连续高维变量的处理能力。例如, 1D-CNN 通过一维卷积核的平移滑动, 能够直接从原始光谱中自动提取局部波峰的微小位移与宽化特征, 有效规避基线漂移干扰; SVM 基于核函数将非线性不可分的光谱数据映射至高维空间寻找最优分类超平面, 在拉曼光谱等典型“小样本、高维度”数据集中表现出卓越的抗过拟合能力, 两者结合主成分分析(principal component analysis-linear discriminant analysis, PCA)等算法能够有效筛选关键波段, 解决光谱冗余与峰重叠问题; 弱信号增强与背景解卷积: 在强基质干扰条件下, 通过深度网络学习光谱微差异, 实现微弱病原特征的放大与解耦; 空间-光谱联合建模: 对于高光谱成像产生的三维数据立方体, 三维卷积网络(three-dimensional convolutional neural network, 3D-CNN)结合注意力机制能够同步解析样本的外部空间形态特征与内部生化光谱信息, 实现空间与光谱维度的多维信息融合分类; (2)端到端自动化识别, 从图像采集到分类决策实现全流程自动化, 降低对专业判读人员的依赖; (3)向无损在线监测与 POCT 延展,结合轻量化模型与智能终端, 使光谱检测由实验室分析转向现场即时筛查。

总体而言, AI 在光谱体系中的核心价值在于将高维连续光学信号转化为可判读的结构化信息, 并增强复杂基质中的识别稳定性。

3 AI 赋能质谱检测技术

3.1 AI 赋能液相色谱-质谱技术检测食源性致病微生物

液相色谱-串联质谱技术(liquid chromatography-tandem mass spectrometry, LC-MS/MS)凭借色谱的分离效能与质谱的离子检测灵敏度, 是复杂食品基质中微生物代谢物及特异性蛋白质定性定量的重要分析工具。人工智能深度学习模型能够自动映射色谱图中的局部特征, 在无须人工干预的条件下完成峰值检测、对齐与去噪。

针对反相液相色谱中常见的信号重叠与基线波动问题, KENSERT 等[33]构建了基于卷积神经网络的端到端峰值提取模型, 该架构将完整的色谱图作为输入向量, 通过卷积层的局部感受野自动提取峰形特征, 直接输出目标分析物的精确边界、概率与峰面积, 有效提升了定量定性的真阳性率与筛查通量。

在处理肉类或乳制品等富含内源性脂质与蛋白质的高干扰基质时, 传统统计学方法难以从数以万计的质谱特征中精确定位病原体特有的微量代谢信号。SINGH[34]在探讨机器学习驱动的非靶向代谢组学应用时指出, XGBoost 与 RF 等树模型算法能够对海量高分辨质谱数据进行降维与特征重要性排序。上述研究表明, AI 算法在液相色谱-质谱法(liquid chromatography-mass spectrometry, LC-MS)体系中的核心价值在于将传统依赖人工经验的色谱峰判读与代谢物筛选流程转化为数据驱动的自动化分析, 有效缩短了从原始谱图到生物标志物发现的周期, 为食源性致病微生物的高通量代谢特征解析奠定了方法学基础。

3.2 AI 赋能基质辅助激光解吸/电离质谱技术检测食源性致病微生物

基质辅助激光解吸/电离飞行时间质谱技术(matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)通过激光脉冲激发与基质共结晶的样品, 使微生物细胞内的蛋白质(尤其是高丰度的核糖体蛋白)电离并在电场中依质荷比(m/z)进行飞行时间分离, 该技术能够迅速生成反映微生物种属特异性的蛋白质指纹图谱。

随着检测通量的提升与食品基质的复杂化, MALDI-TOF MS 产生的海量谱图数据对传统的人工比对方法构成了挑战。机器学习与深度学习模型被用于深层特

征提取与分类决策。利用 PCA 对提取的特征质量离子峰进行降维, 已被证明能够有效区分沙门氏菌、大肠杆菌和葡萄球菌等常见食源性致病菌[35]。SVM、RF 及 XGBoost 等监督学习算法的广泛应用, 进一步提升了从高维图谱中挖掘特异性生物标志物的效率, 实现了对复杂样本中近缘种或特定血清型的高分辨率区分[36]。

FEUCHEROLLES 等[37]的研究表明, 将 MALDI-TOF MS 与机器学习预测模型相结合, 能够实现对空肠弯曲杆菌和结肠弯曲杆耐药性的快速表型筛查。该 AI 模型在检测针对环丙沙星和四环素耐药的菌株时, 其灵敏度与精确度分别达到 92.3%和 81.2%[38], 并成功锁定了与氟喹诺酮类、四环素类及氨基糖苷类抗生素耐药潜在相关的特征质量标志物。这种基于质谱指纹与算法联动的耐药性筛查模式, 大幅缩短了传统表型药敏试验的周期[37]。

3.3　AI 赋能环境电离质谱技术检测食源性致病微生物

环境电离质谱法(ambient ionization mass spectrometry, AIMS)通过在常压、开放环境下直接对样品表面的目标分子进行解吸与电离, 重构了传统质谱的进样与离子化流程。该技术矩阵主要涵盖实时直接分析质谱法(direct analysis in real time-mass spectrometry, DART-MS)、解吸电喷雾电离法(desorption electrospray ionization, DESI)以及快速蒸发电离质谱法(rapid evaporative ionization mass spectrometry, REIMS)等。AIMS 技术免除了烦琐的样品前处理与色谱分离步骤, 能够在接近自然状态的条件下直接获取食品基质中微生物的分子轮廓, 有效缩短了从采样到获取质谱指纹的分析周期。

然而, 由于 AIMS 离子源的高度开放性, 其生成的质谱数据往往伴随强烈的基质背景干扰与信号波动。人工智能技术尤其是机器学习算法的引入, 为高维、嘈杂环境质谱数据的降维与模式识别提供了计算工具。SVM、主成分分析结合线性判别分析(principal component analysis-linear discriminant analysis, PCA-LDA)等分类器已被有效应用于挥发性有机化合物(volatile organic compounds, VOCs)或脂质指纹的精准判别中, 实现了对复杂基质中致病菌属种的快速聚类[39]。

随着深度学习架构的演进, 处理高维光谱信号的先进神经网络模型为 AIMS 一维质谱图的特征解耦提供了方法学参考。在复杂生物光学传感领域(如 SERS 检测), 基于神经网络架构搜索(neural architecture search, NAS)优化的 Unet 深度学习模型(NAS-Unet)展现出卓越的去噪与微弱特征识别能力, 分类精度可达 92.77%[40]。这种数据驱动的自动化网络架构同样适用于 AIMS 生成的复杂质谱轮廓数据, 能够自适应地提取受基质效应掩盖的痕量微生物信号, 改善了环境电离过程中由于离子化效率波动带来的特异性降低问题。

多维数据融合算法的拓展, 进一步推动了 AIMS 在空间分布检测(如 DESI-MS 成像)及深层组学挖掘中的应用。环境质谱成像生成的海量空间像素点蕴含了病原体在食品表面定殖的二维或三维拓扑信息。借鉴 AI 在细胞与组织显微图像分析中成熟的图像分割与多模态融合技术[41], 计算机视觉算法被逐步引入 DESI-MS 成像数据的自动解析中, 用于量化致病菌群落的空间分布规律。GEIER 等[42]在宿主-微生物互作界面的空间代谢组学研究中, 利用 MALDI-TOF MS 结合计算机视觉算法, 实现了微米级分辨率下代谢物空间分布的三维重构, 该策略为 DESI-MS 成像在食品表面致病菌定殖分析中的应用提供了可借鉴的数据处理框架。

3.4　AI 赋能高分辨质谱检测食源性致病微生物

高分辨质谱依靠高分辨率与高精确度质量数测定能力, 是食源性致病微生物及其代谢物非靶向筛查的核心工具[43]。然而, 海量高维数据对后续的数据解卷积提出了极大的算力挑战。AI 技术通过机器学习与深度神经网络, 显著优化了高分辨质谱底层的预处理与特征提取工作流[44]。例如, 基于图像模式识别的“Trace”算法能从单细胞代谢组数据中自动提取极低丰度信号[45]; 而 MEDUSA 架构与随机森林等模型则实现了从复杂同位素谱图中高精度反向预测未知代谢物的分子式[46–47]。

底层算法的突破, 进一步拓展了高分辨质谱在微生物鉴定与多维溯源中的应用边界。在快速鉴定方面, 结合 SVM 的高维模式识别或自动化多肽匹配算法(如 LASCH 等[48]的研究), 有效规避了串联质谱碎裂与传统培养耗时, 实现了金黄色葡萄球菌等病原体的菌株级快速筛查[49–51]。在多维扩展方面, AI 与高分辨质谱不仅被用于挖掘新型天然抑菌物质(如贝莱斯芽孢杆菌分泌的抗菌脂肽[52]), 还结合偏最小二乘判别分析等多元统计模型, 在生鲜乳[53]与脱水果蔬[54]的产地溯源与掺假预警中展现出巨大潜力, 正逐步推动检测体系向多模态数据同化框架演进[55]。

综上, 在 LC-MS/MS、MALDI-TOF MS、超高效液相色谱-质谱法(ultra performance liquid chromatography-mass spectrometry, UPLC-MS)及环境电离质谱等体系中, AI 的共性赋能机制集中体现在以下层面: (1)峰识别与自动积分优化, 利用深度学习替代传统固定阈值算法, 实现色谱峰自动检测与去噪; (2)高维代谢数据特征筛选, 自动处理基线扣除与峰对齐, 挖掘与抗菌素耐药性相关的蛋白峰信号; (3)非靶向数据向靶向应用转化, 加速生物标志物发现, 为高通量靶向检测方法提供分子基础; (4)耐药表型与毒力因子预测, 结合质谱指纹与机器学习缩短传统培养与药敏试验周期, 并整合代谢物、基因表达与环境参数建立动态风险评估模型。

因此, 在质谱检测中, AI 的核心功能是对复杂化学信

号进行结构化重建，并推动检测技术向分子层级的风险预测工具演进。

4 AI 赋能融合检测技术检测食源性致病微生物

融合荧光原位杂交技术(fluorescence in situ hybridization, FISH)与高分辨质谱法分析的多维检测策略——metaFISH(或质谱标签-FISH 技术)建立了一条从空间形态锚定到分子特征验证的分析流程，在具体操作中，该体系利用针对特定微生物核酸序列(如 16S rRNA 保守区)的荧光或特定质量标签探针，在复杂样本中完成对目标致病菌群落的空间定位。随后，结合 MALDI-TOF MS 等仪器，对标记靶区进行原位分子解吸附与表型分析。

高分辨率光学荧光图像与海量高维质谱数据的叠加增加了后续数据处理的复杂性，而人工智能技术的引入有效解决了这种异构数据的融合难题。在多模态检测框架内，AI 算法不仅用于基础的数据清洗，更作为核心计算模块，负责将光学维度的空间分布坐标与质谱维度的代谢物丰度进行像素级对齐[56]。基于卷积神经网络与空间图聚类算法，系统能够自动过滤高脂肉类或深色果蔬等复杂食品基质带来的背景干扰，并从混合群落谱图中提取微弱的病原体代谢特征或特异性功能蛋白指纹[57]。在空间代谢组学质谱成像技术(mass spectrometry imaging, MSI)与 FISH 技术结合的新型 metaFISH 策略中，计算机视觉与图神经网络模型被用于实现致病菌微环境及宿主-微生物互作界面的微米级三维重构[42]。这种多模态数据处理方式替代了传统的人工比对，提升了多重病原菌同步筛查的自动化水平与通量。

在实际的食品加工与流通环节中，metaFISH 结合智能算法表现出较强的基质适应性。针对成分复杂的水产供应链或易受交叉污染的生鲜乳制品，该技术通过提供分类学定位与表型特征的双重信息，有效克服了环境基质的干扰[58]。在这种复合分析框架下，机器学习模型能够解析单核细胞增生李斯特菌等病原体的特定血清型标志物[36]，并能在全细胞原位水平上，运用 PCA 及 SVM 对大肠杆菌、沙门氏菌等常见致病菌进行数据降维与无损鉴别[35]。

综合上述案例可见，AI 在多波长投射与多光谱技术中的核心作用在于将高维、重叠的光学信号转化为可判读的结构化信息，显著增强了复杂食品基质中致病微生物的识别稳定性与检测通量。为进一步厘清 AI 在不同检测平台中的共性赋能机制，表 2 系统归纳了各主要技术所引入的核心算法、解决的关键痛点及其典型应用场景，直观展示了从分子生物学到光谱、质谱检测的 AI 技术分布图谱。而表 3 则进一步从数据结构特征、AI 介入环节与赋能机制等维度进行横向比较，揭示了 AI 在非线性特征提取、噪声抑制、多源信息融合及风险建模等方面的跨技术共性逻辑。两表互为补充，共同勾勒出 AI 赋能食源性致病微生物检测的方法学框架，为构建统一的数据解析体系与智能化检测方案提供了结构化的理论参照。

无论是分子生物学检测、光谱分析、质谱技术，还是多模态融合检测体系，AI 的介入均已从单一的数据解析工具演化为贯穿"信号采集—特征提取—识别分类—风险评估"全链条的核心驱动力量。从技术整合的角度来看，AI 在食源性致病微生物检测中的作用已不局限于提升单一环节的准确率，而是通过多模态数据融合、智能特征提取与模式识别分类等计算模块的协同运作，将底层检测信号逐步转化为污染溯源、风险预警及精准干预等上层管理决策。打通从检测信号到决策输出的完整链路，是智能化食品安全监测体系从实验室验证走向产业实战的关键所在。

表 2 AI 赋能食源性致病微生物主要检测技术与应用场景汇总

Table 2 Summary of main detection technologies and application scenarios for AI-empowered foodborne pathogenic microorganisms

技术大类	具体细分技术	引入的主要 AI 算法/模型	解决的核心痛点与应用场景	目标微生物/应用示例	适用边界与局限性	参考文献
分子生物学	多重 qPCR/dPCR	SVM、RF、CNN	克服荧光通道物理限制；解决复杂基质下微滴图像假阳性剔除与绝对定量	沙门氏菌、大肠杆菌的核酸高通量筛查与量化	受限于物理荧光通道数；极低浓度下曲线特征微弱，易将背景波动误判为阳性	[8–9]
	WGS	XGBoost、CNN、LogitBoost、RF	AMR 表型预测、MST	李斯特菌污染源追踪；沙门氏菌耐药特征挖掘	极度依赖参考数据库；高维数据计算开销大，对全新未知耐药突变的预测能力弱	[6,12]
	DNA 指纹图谱	YOLO、Mask R-CNN、RF	消除凝胶电泳图谱人工判读的主观偏差；实现低质量图像 DNA 条带精准定位	大肠杆菌等环境水体复杂交叉污染源的自动归类分析	对电泳图像质量敏感；样本类别极度不平衡时，小样本污染源易被忽略或错分	[13–14]
光谱学	IR/NIR	SVM、1D-CNN	抑制固态基质(如生肉)背景水分和脂肪噪声；实现非破坏性原位宏观监控	区分沙门氏菌血清型；大肠杆菌与金黄色葡萄球菌原位识别	受水分吸收与物理散射干扰大；传统线性降维难以完全解耦复杂的非线性基质效应	[19,21]

表 2(续)

技术大类	具体细分技术	引入的主要 AI 算法/模型	解决的核心痛点与应用场景	目标微生物/应用示例	适用边界与局限性	参考文献
光谱学	Raman/SERS	多尺度 CNN、生成对抗网络、SVM	解析多菌落混合污染的高度重叠信号; 结合同位素实现活/死菌代谢表型区分	快速筛查复杂肉类表面的痕量大肠杆菌与金黄色葡萄球菌	基底重现性差导致光谱波动大; 深度模型呈“黑盒”特性, 特征峰缺乏生化解释性	[23–24]
	荧光/高光谱/多光谱	高斯过程分类器、平行因子分析(PARAFAC)+MLP、3D-GhostNet	滤除生鲜农产品叶绿素等天然荧光干扰; 实现单细胞级别的空间-光谱特征解耦	菠菜基质中的活态大肠杆菌原位检测; 微孔板高通量筛查	穿透浅仅限表层; 易受内源荧光干扰导致基线漂移, 模型跨批次一致性较差	[25,28]
质谱与色谱	LC-MS/MS	CNN、XGBoost、RF	实现端到端色谱峰自动检测与去噪; 从高维数据中筛选特异性微量代谢标志物	挖掘肉类基质中沙门氏菌和李斯特菌的差异性脂质或多肽	高度依赖保留时间对齐精度; 复杂基质中自动提取的微量特征峰易出现假阳性	[33–34]
	MALDI-TOF	PCA、SVM、RF、CNN	自动处理基线扣除与峰对齐; 挖掘抗性相关蛋白峰以预测 AMR 表型	区分李斯特菌高风险血清型; 空肠弯曲杆菌耐药性快速筛查	对培养条件与结晶状态极敏感; 混菌体系或缺乏训练数据的罕见表型中准确率骤降	[36–37]
	高分辨/环境质谱(高分辨质谱/AIMS)	自动网络架构搜索(NAS-Unet)、Trace 算法、MEDUSA 架构	直接解析未知代谢物分子式; 克服开放电离环境的背景波动, 捕获痕量 VOCs	贝莱斯芽孢杆菌抑菌活性物质挖掘; 食品供应链溯源预警	易受环境基线波动与基质抑制; 深层网络预测未知分子式计算复杂度高, 难分同分异构体	[52–54]

注: 实时定量聚合酶链式反应法(quantitative polymerase chain reaction, qPCR); 数字聚合酶链式反应法(digital polymerase chain reaction, dPCR); 抗菌药物耐药性(antimicrobial resistance, AMR)。

表 3　AI 在食源性致病微生物检测中的跨技术共性赋能机制比较

Table 3　Comparison of cross-technology empowerment mechanisms of AI in detection of foodborne pathogenic microorganisms

技术类别	数据结构特征	AI 主要介入环节	共性赋能机制	典型优势	主要局限	参考文献
分子生物学检测(PCR/WGS/等温扩增)	扩增曲线、基因序列、高维指纹图谱	曲线特征提取、序列建模、图像分割	非线性特征自动提取; 噪声抑制; 定量预测	高灵敏度; 可预测耐药性与来源	依赖大规模标注数据; 泛化能力受限	[3,15]
光谱检测技术(IR/Raman/HSI/EEM)	连续高维光谱矩阵、空间-光谱立方体	波段优选、降维去噪、模式识别	高维降维; 弱信号增强; 空间-光谱融合	无损检测; 适合在线监测	基质干扰强; 模型可解释性不足	[30,59]
质谱检测技术(LC-MS/MALDI/UPLC)	三维质谱矩阵(RT-*m*/*z*-强度)	峰检测、特征筛选、代谢标志物挖掘	峰自动识别; 生物标志物优选; 风险建模	高特异性; 适合多靶标分析	数据处理复杂; 跨平台一致性差	[44,57]
多模态融合检测	多源异构数据(分子+光谱+环境参数)	特征融合、集成学习、深度网络	多源信息同化; 风险预测; 决策支持	提升稳定性与预测能力	数据标准化与隐私问题	[42,56]

注: 基质辅助激光解吸/电离(matrix-assisted laser desorption/ionization, MALDI); RT 为保留时间(retention time)。

5　结束语

人工智能技术在食源性致病微生物检测领域的应用, 已深度融入分子生物学、光谱分析与质谱检测等核心技术体系, 显著提升了高维异构数据的解析效率与风险评估精度。然而, 推动智能化检测技术从实验室概念验证走向规模化产业落地, 仍面临诸多系统性挑战。未来该领域的演进与突破, 有赖于在数据治理、模型优化、场景拓展及监管框架四个维度的纵深推进。

高质量的数据资源是驱动算法迭代的先决条件, 完善数据治理体系是解决当前数据壁垒的关键。现阶段, 由于跨平台设备数据接口的异构性以及实验室预处理流程的非标准化, 具备高度代表性与跨基质特征的公共验证数据集仍显匮乏。同时, 伴随致病菌全基因组测序数据与食品供应链元数据的大规模接入, 数据权属、商业机密及隐私保护等问题愈发凸显。因此, 亟待确立多模态数据的统一标准与规范化接口, 并在确保信息安全的前提下, 引入联邦学习等隐私计算与分布式训练框架, 以实现多源异构数

据的合规互通与深度挖掘。

在数据标准化的基础上，算法模型的迭代需重点攻克泛化能力受限与生化机制可解释性缺失的瓶颈。目前，多数机器学习模型的研究侧重于封闭测试集内的预测精度，而在面对成分复杂的真实食品基质时，极易因背景干扰产生过拟合现象；此外，深度神经网络固有的“黑盒”属性，限制了其提取特征与真实分子生化机制间的逻辑映射。为此，下一代智能检测模型的构建应转变评价导向，由单一的准确率指标向鲁棒性、泛化度与可解释性等多维评价体系过渡。通过引入物理信息神经网络或特征归因算法，赋予模型输出明确的生化学本源，从而提升模型跨基质、跨设备的泛化外推效能。

伴随模型性能的持续优化，智能检测技术的工程化转化需紧密结合真实应用场景，重点解决成本效益评估与全链条风险预警体系构建等现实问题。目前，高通量检测平台及配套高端算力设备的昂贵造价，构成了技术向基层与中小型检测机构普及的实质性壁垒。针对上述限制，未来的技术落地应着重推进算法轻量化压缩与边缘计算架构的研发，促使高算力需求向便携式 POCT 设备及智能移动终端有效迁移。此外，分散的边缘检测节点需进一步与食品供应链的物联网系统深度融合，通过动态耦合温湿度、时空坐标等物理元数据，构建贯穿“农田到餐桌”全流程的病原微生物时空分布预测与动态污染溯源网络。

智能辅助检测技术的全面规模化应用，最终需与现行食品安全监管框架实现深度对接与制度重构。由于当前的检验检疫标准主要依托传统的培养法与理化分析体系，人工智能模型输出结果的证据属性、法定效力，及其存在假阳性或假阴性误判时的责任界定，尚处于法律空白地带。因此，监管机构亟待针对智能辅助分析平台，制定严谨的标准化验证规范与产品准入机制。通过确立算法模型的有效性评价准则与权责划分边界，不仅可为前沿技术的产业化提供合规性指引，亦能驱动国家食品安全监控模式由被动的终端确证向主动的前端风险研判演进，为构筑更高水平的公共卫生防线提供科学支撑。

综上，人工智能与食源性致病微生物检测技术的深度融合，已超越了单一分析工具的方法学拓展，实质上推动了从底层高维数据解析、中端生化特征挖掘至顶层风险研判的全链条范式演进。尽管当前该领域在数据治理壁垒、模型泛化机制、工程化转化及法规标准验证等维度仍面临系统性挑战，但依托计算科学、生物分析化学与物联网工程的跨学科协同，上述技术瓶颈正逐步被克服。未来，基于“数据标准-核心算法-边缘算力-监管框架”相协同的创新体系，智能化辅助检测技术将深度嵌入现有的食品安全监控网络，驱动病原微生物监测模式由被动的终端确证向主动的风险预警发生根本性转型，进而为构筑高水平的公共卫生数智化防御体系提供坚实的科学支撑。

参考文献

[1] KABIRAZ MP, MAJUMDAR PR, MAHMUD MMC, *et al*. Conventional and advanced detection techniques of foodborne pathogens: A comprehensive review [J]. Heliyon, 2023, 9(4): e15482.

[2] LIU S, ZHAO K, HUANG M, *et al*. Research progress on detection techniques for point-of-care testing of foodborne pathogens [J]. Front Bioeng Biotechnol, 2022(10): 958134.

[3] YE Y, LI L, CHEN Y, *et al*. Molecular methods for rapid detection and identification of foodborne pathogenic bacteria [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2025, 41(5): 175.

[4] IRKHAM I, UMAR AI, WILSON CN, *et al*. Current technologies for detection of COVID-19: Biosensors, artificial intelligence and internet of medical things (IoMT): Review [J]. Sensors, 2023, 23(1): 426.

[5] GOMES E, ARAÚJO D, NOGUEIRA T, *et al*. Advances in whole genome sequencing for foodborne pathogens: Implications for clinical infectious disease surveillance and public health [J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2025(15): 1593219.

[6] TANUI CK, BENEFO EO, KARANTH S, *et al*. A machine learning model for food source attribution of Listeria monocytogenes [J]. Pathogens, 2022, 11(6): 691.

[7] TIETZE R, HAUSEN E, HEINEN L, *et al*. Search and detect pathogens using magnetic iron oxide nanoparticles [J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2025(781): 152462.

[8] MONIRI A, MIGLIETTA L, MALPARTIDA-CARDENAS K, *et al*. Amplification curve analysis: Data-driven multiplexing using real-time digital PCR [J]. Analytical Chemistry, 2020, 92(19): 13134–13143.

[9] SONG Y, LIM S, KIM YT, *et al*. Deep learning enables accurate analysis of images generated from droplet-based digital polymerase chain reaction (dPCR) [J]. Sensors and Actuators B: Chemical, 2023, 379: 133241.

[10] GAO Y, LIU M. Application of machine learning based genome sequence analysis in pathogen identification [J]. Frontiers in Microbiology, 2024(15): 1474078.

[11] SANAA M, POUILLOT R, VEGA FG, *et al*. GenomeGraphR: A user-friendly open-source web application for foodborne pathogen whole genome sequencing data integration, analysis, and visualization [J]. PLoS One, 2019, 14(2): e0213039.

[12] SWETHA CS, PORTEEN K, ELANGO A, *et al*. Genetic diversity, virulence and distribution of antimicrobial resistance among Listeria monocytogenes isolated from milk, beef, and bovine farm environment [J]. Iranian Journal of Veterinary Research, 2021, 22(1): 1–8.

[13] VIVIERS SA, RICHTER L, DU-PLESSIS EM, *et al*. Microbiological quality of irrigation water on highly diverse fresh produce smallholder farms: Elucidating environmental routes of contamination [J]. Journal of Applied Microbiology, 2024, 135(4): lxae091.

[14] LABRADOR KL. Microbial source tracking of fecal contamination in Laguna Lake, Philippines using the library-dependent method, rep-PCR [J]. Journal of Water and Health, 2021, 19(5): 841–855.

[15] PANG L, PI X, YANG X, *et al*. Nucleic acid amplification-based strategy to detect foodborne pathogens in milk: A review [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2024, 64(16): 5398–5413.

[16] ZHANG T, LI HT, XIA X, *et al*. Direct detection of foodborne pathogens via a proximal DNA probe-based CRISPR-Cas12 assay [J]. Journal of

Agricultural and Food Chemistry, 2021, 69(43): 12828–12836.

[17] MEZGEBO B, CHAFFEE R, CASTELLANOS LR, *et al*. You Only Look Once (YOLO) based machine learning algorithm for real-time detection of loop-mediated isothermal amplification (LAMP) diagnostics [J]. PLOS One, 2026, 21(2): e0339042.

[18] CHEN C, LI Z. Deep-dLAMP: Deep learning-enabled polydisperse emulsion-based digital loop-mediated isothermal amplification [J]. Advanced Science (Weinh), 2022, 9(9): 2105450.

[19] FREDES-GARCÍA D, JIMÉNEZ-RODRÍGUEZ J, PIÑA-ITURBE A, *et al*. Development of a robust FT-IR typing system for Salmonella enterica, enhancing performance through hierarchical classification [J]. Microbiology Spectrum, 2025, 13(7): e00159–25.

[20] MUTHUSAMY G, KARTHIKEYAN S, ARUN-GIRIDHARI V, *et al*. Identification of potential biomarkers and spectral fingerprinting for detection of foodborne pathogens in raw chicken meat matrix using GC-MS and FTIR [J]. Foods, 2024, 13(21): 3416.

[21] BAI Z, DU D, ZHU R, *et al*. Establishment and comparison of in situ detection models for foodborne pathogen contamination on mutton based on SWIR-HIS [J]. Frontiers in Nutrition, 2024(11): 1325934.

[22] DING J, LIN Q, ZHANG J, *et al*. Rapid identification of pathogens by using surface-enhanced Raman spectroscopy and multi-scale convolutional neural network [J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2021, 413(14): 3801–3811.

[23] HE D, WU Z, CHEN B, *et al*. Raman spectroscopy powered by machine learning methods for rapid identification of foodborne pathogens [J]. Food Bioscience, 2025(66): 106281.

[24] WANG M, DIAO H, DOU C, *et al*. Label-free detection of pathogenic microorganism using Ag NPs@ PDMS sponge SERS substrate and machine learning [J]. Sensors and Actuators B: Chemical, 2024(413): 135811.

[25] PHOTHAWORN P, PHROMTHEP K, PHOLRAT O, *et al*. Detection of Escherichia coli using bacteriophage t7 and analysis of excitation-emission matrix fluorescence spectroscopy [J]. Journal of Food Protection, 2024, 87(12): 100396.

[26] SUNDARAMOORTHY A, THOUFEEQ JM, GANESAN B, *et al*. Fluorescent machine learning aided classification of pathogenic bacteria using the excitation emission matrix [J]. Analytical Letters, 2025, 58(1): 136–151.

[27] KANG R, SUN S, OUYANG Q, *et al*. 3D-GhostNet: A novel spatial-spectral algorithm to improve foodborne bacteria classification coupled with hyperspectral microscopic imaging technology [J]. Sensors and Actuators B: Chemical, 2024(411): 135706.

[28] FENG Y, REIS MM, VIDAL LVO, *et al*. High-throughput, rapid, and non-destructive detection of common foodborne pathogens via hyperspectral imaging coupled with deep neural networks and support vector machines [J]. Food Research International, 2025(202): 115598.

[29] ZHANG B, NAMBISAN AK, HUNGUND AP, *et al*. Stochastic generalization models learn to comprehensively detect volatile organic compounds associated with foodborne pathogens via Raman spectroscopy [J]. RSC Advances, 2025, 15(7): 4847–4860.

[30] LIN Z, HU X, LIU Y, *et al*. Multispectral imaging in medicine: A bibliometric study [J]. Heliyon, 2024, 10(16): e36389.

[31] ZHU H, LUO J, HE S. Detecting multiple mixed bacteria using dual-mode hyperspectral imaging and deep neural networks [J]. Applied Sciences, 2024, 14(4): 1525.

[32] SOGIN JH, LOPEZ-VELASCO G, YORDEM B, *et al*. Implementation of ATP and microbial indicator testing for hygiene monitoring in a tofu production facility improves product quality and hygienic conditions of food contact surfaces: A case study [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(5): e02278–20.

[33] KENSERT A, COLLAERTS G, EFTHYMIADIS K, *et al*. Convolutional neural network for automated peak detection in reversed-phase liquid chromatography [J]. Journal of Chromatography A, 2022(1672): 463005.

[34] SINGH V. Current advancements in untargeted metabolomics analysis and testing driven by machine learning: Prospects for artificial intelligence in patient-centric healthcare transformation [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2025, 198(2): 1–43.

[35] YAN W, QIAN J, GE Y, *et al*. Principal component analysis of MALDI-TOF MS of whole-cell foodborne pathogenic bacteria [J]. Analytical Biochemistry, 2020(592): 113582.

[36] ABDELHAMED H, NHO SW, KIM SW, *et al*. Serotype-identifying ions in Listeria monocytogenes using matrix-associated laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry [J]. Heliyon, 2022, 8(12): e11769.

[37] FEUCHEROLLES M, NENNIG M, BECKER SL, *et al*. Combination of MALDI-TOF mass spectrometry and machine learning for rapid antimicrobial resistance screening: The case of Campylobacter spp [J]. Frontiers in microbiology, 2022(12): 804484.

[38] FEUCHEROLLES M. Integrating MALDI-TOF mass spectrometry with machine learning techniques for rapid antimicrobial resistance screening of foodborne bacterial pathogens [J]. Methods in molecular biology (Clifton, N.J.), 2024(2852): 85–103.

[39] ARORA M, ZAMBRZYCKI SC, FARNHAM J, *et al*. Machine learning approaches to identify discriminative signatures of volatile organic compounds (VOCs) from bacteria and fungi using SPME-DART-MS [J]. Metabolites, 2022, 12(3): 232.

[40] WANG Z, LIANG P, ZHAI J, *et al*. Efficient detection of foodborne pathogens via SERS and deep learning: An ADMIN-optimized NAS-Unet approach [J]. Journal of Hazardous Materials, 2025(489): 137581.

[41] ALI M, BENFANTE V, BASIRINIA G, *et al*. Applications of artificial intelligence, deep learning, and machine learning to support the analysis of microscopic images of cells and tissues [J]. Journal of Imaging, 2025, 11(2): 59.

[42] GEIER B, SOGIN EM, MICHELLOD D, *et al*. Spatial metabolomics of in situ host-microbe interactions at the micrometre scale [J]. Nature Microbiology, 2020, 5(3): 498–510.

[43] ANKLEY P, MAHONEY H, BRINKMANN M. Xenometabolomics in ecotoxicology: Concepts and applications [J]. Environmental Science & Technology, 2025, 59(17): 8308–8316.

[44] GU C, WANG G, ZHUANG W, *et al*. Artificial intelligence-enabled analysis methods and their applications in food chemistry [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2026, 66(1): 206–227.

[45] LIU Z, PORTERO EP, JIAN Y, *et al*. Trace, Machine Learning of Signal Images for Trace-Sensitive Mass Spectrometry: A Case Study from

Single-Cell Metabolomics [J]. Analytical Chemistry, 2019, 91(9): 5768-5776. DOI: 10.1021/acs.analchem.8b05985.

[46] COLBY SM, NUÑEZ JR, HODAS NO, *et al*. Deep learning to generate molecular formulas from high-resolution mass spectrometry data [J]. Journal of the American Chemical Society, 2022, 144(32): 14590–14606.

[47] PAN Q, HU W, HE D, *et al*. Machine-learning assisted molecular formula assignment to high-resolution mass spectrometry data of dissolved organic matter [J]. Talanta, 2023(259): 124484.

[48] LASCH P, SCHNEIDER A, BLUMENSCHEIT C, *et al*. Identification of microorganisms by liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS1) and in silico peptide mass libraries [J]. Molecular & Cellular Proteomics, 2020, 19(12): 2125–2139.

[49] PARAMITHIOTIS S. Molecular targets for foodborne pathogenic bacteria detection [J]. Pathogens, 2023, 12(1): 104.

[50] PEDONESE F, FRATINI F, COPELOTTI E, *et al*. Behaviour of Staphylococcus aureus in the rearing substrate of Tenebrio molitor larvae [J]. Veterinary Sciences, 2023, 10(9): 549.

[51] ROQUENCOURT C, SALVATOR H, BARDIN E, *et al*. Enhanced real-time mass spectrometry breath analysis for the diagnosis of COVID-19 [J]. ERJ Open Research, 2023, 9(5). DOI: 10.1183/23120541.00206-2023.

[52] NABILA TT, DAMAYANTI E, WIDADA J. Exploration of antibacterial compounds from Bacillus velezensis BP1 against foodborne pathogens Staphylococcus aureus and Salmonella enterica typhimurium using metabolomic and genomic approaches [J]. Journal of Food Protection, 2025, 88(7): 100546.

[53] RIBONI N, PIERGIOVANNI M, MATTAROZZI M, *et al*. Ultra-high performance liquid chromatography ion mobility-high-resolution mass spectrometry for the assessment of raw milk traceability [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2023, 71(41): 15407–15416.

[54] SAMMARCO G, DALL'ASTA C, SUMAN M. Untargeted metabolomics liquid chromatography-high resolution mass spectrometry approach for the geographical origin assessment of Italian dehydrated apples [J]. Journal of Mass Spectrometry, 2023, 58(10): e4954.

[55] PIGA I, L'IMPERIO V, CAPITOLI G, *et al*. Paving the path toward multi-omics approaches in the diagnostic challenges faced in thyroid pathology [J]. Expert Review of Proteomics, 2023, 20(12): 419–437.

[56] BANICOD RJS, TABASSUM N, JO DM, *et al*. Integration of artificial intelligence in biosensors for enhanced detection of foodborne pathogens [J]. Biosensors (Basel), 2025, 15(10): 690.

[57] OYEDEJI AB, GREEN E, ADEBIYI JA, *et al*. Metabolomic approaches for the determination of metabolites from pathogenic microorganisms: A review [J]. Food Research International, 2021(140): 110042.

[58] ZENG X, WANG Y, SHEN X, *et al*. Application of matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry for identification of foodborne pathogens: Current developments and future trends [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2024, 72(40): 22001–22014.

[59] ZHOU R, YE W, ZHANG Z, *et al*. Advances in molecular vibrational spectroscopy for foodborne pathogen detection [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2025, 73(41): 25756–25779.

(责任编辑：蔡世佳 曹岱琳)