

## 附件 4

# 中华预防医学会科学技术奖项目公示内容

### 一、项目名称：

国家致病菌识别网核心技术体系建立与应用

### 二、推荐单位（专家）及推荐意见：

该项目聚焦国家传染病防控的重大需求，在实验室监测技术标准化、信息化、网络化应用 3 个方面开展系统性探索工作，取得了突破性研究成果，为细菌性传染病的防治和研究提供了可借鉴的科学模式。项目组经过 20 余年的系统性研究，建立了适用于实验室网络化监测的病原菌分子分型和基因组学分析系统，研发了具有自主知识产权的传染病实验室网络化监测信息平台，在全国得到广泛应用，实现了全国各级疾控中心病原学监测数据的互联互通、互认互比，建立了从基因到病原特征与疫情发现和溯源的技术体系，提升了我国疫情早期预警和有效处置的能力。以本项目成果为技术基础，原国家卫计委在全国疾控系统组织建立了国家致病菌识别网，支撑了细菌性传染病、传染病症候群等全国性监测工作和项目实施，为国家传染病监测与防控、国家生物安全 and 信息安全提供了坚实的技术保障，是科研成果转化应用的成功案例，项目整体水平达到国际领先水平。本单位认真审核了推荐书各项内容，确保材料真实有效，经公示无异议，同意推荐 2025 年中华预防医学会科学技术奖。

### 三、项目简介：

本项目创建了以病原菌分子分型和基因组学分析形成病原监测数据、以实验室网络化自主可控的信息系统为分析平台的核心技术体系，实现了从单点监测向多点融合、从经验判断向精准溯源、从局部防控向全国联动的技术和能力跨越。

1. 建立了适用于实验室网络化监测的病原菌分子分型和基因组学分析系统。研发了集病原鉴定、毒力与耐药基因解析、分子分型和全基因组序列比对分析于一体的标准化技术体系，开发了 cgMLST-cgSNP 分级高效基因组比对方案，建立了基于基因组序列的高毒力、高耐药、高传播力病原菌识别和耐药质粒全要素解析技术，形成了细菌性传染病病原学监测多维数据集。

2. 研发了具有自主知识产权的传染病实验室网络化监测信息平台。建立了网络前端病原特征大数据轻量化预处理策略流程，研发了细菌分子指纹图谱比对、基因组比对和聚集簇绘制流程，构建了基于隐私计算和区块链技术的安全共享模式，实现了网络实验室多用户高效并行运算，创立了实验室数据直传的三级管理模式。

本项目实现了全国各级疾控中心病原学监测数据的互联互通、互认互比，建立了从基因到病原特征与疫情发现和溯源的技术体系，提升了我国疫情早期预警和有效处置的能

力。以本项目成果为技术基础，原国家卫计委在全国疾控系统组织建立了国家致病菌识别网，支撑了细菌性传染病、传染病症候群等全国性监测工作和项目实施，为国家生物安全 and 信息安全提供了坚实的技术保障。

#### 四、主要支撑材料目录

| 顺序 | 文章                                                                                                                                                 | 作者                                                                                                                                                                                                                                                    |
|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1  | Chinese Pathogen Identification Net: A laboratory network for surveillance and response of bacterial infectious diseases                           | Zhigang Cui, Haijian Zhou, Shuang Meng, Xiaoli Du, Jianguo Xu, Biao Kan                                                                                                                                                                               |
| 2  | Epidemiologic and genomic insights on <i>mcr-1</i> -harbouring <i>Salmonella</i> from diarrhoeal outpatients in Shanghai, China, 2006-2016         | Xin Lu, Mei Zeng, Jialiang Xu, Haijian Zhou, Baoke Gu, Zhenpeng Li, Huiming Jin, Xiaoxun Wang, Wen Zhang, Yongfei Hu, Wenjia Xiao, Baoli Zhu, Xuebin Xu, Biao Kan                                                                                     |
| 3  | Outbreak dynamics of foodborne pathogen <i>Vibrio parahaemolyticus</i> over a seventeen year period implies hidden reservoirs                      | Chao Yang, Yinghui Li, Min Jiang, Lei Wang, Yixiang Jiang, Lulu Hu, Xiaolu Shi, Lianhua He, Rui Cai, Shuang Wu, Yaqun Qiu, Linying Lu, Le Zuo, Qiongcheng Chen, Yarong Wu, Jaime Martinez-Urtaza, Chengsong Wan, Ruifu Yang, Yujun Cui and Qinghua Hu |
| 4  | The emergence and outbreak of multidrug-resistant typhoid fever in China                                                                           | Meiying Yan, Xinlan Li, Qiaohong Liao, Fang Li, Jing Zhang, Biao Kan                                                                                                                                                                                  |
| 5  | Extensively drug-resistant (XDR) <i>Salmonella</i> Typhi outbreak by waterborne infection — Beijing Municipality, China, January–February 2022     | Yu Wang, Dan Lu, Yingying Jin, Huanxin Wang, Bing Lyu, Xin Zhang, Ying Huang, Gaolin Shu, Baiwei Liu, Changying Lin, Hao Zhao, Mingqiang Zhao, Lingyu Shen, Zhiyong Gao, Daitao Zhang, Quanyi Wang, Mei Qu, Lei Jia                                   |
| 6  | Co-existence of multiple distinct lineages in <i>Vibrio parahaemolyticus</i> serotype O4:K12                                                       | Lin Zhao, Hongyou Chen, Xavier Didelot, Zhenpeng Li, Yinghui Li, Meiling Chen, Yu Du, Hongqun Zhao, Jie Li, Qinghua Hu, Biao Kan, Min Chen, Bo Pang                                                                                                   |
| 7  | Whole-genome analysis of <i>Salmonella enterica</i> serovar Enteritidis isolates in outbreak linked to online food delivery, Shenzhen, China, 2018 | Min Jiang, Feng Zhu, Chao Yang, Yinhua Deng, Patrick S.L. Kwan, Yinghui Li, Yiman Lin, Yaqun Qiu, Xiaolu Shi, Hui Chen, Yujun Cui, Qinghua Hu                                                                                                         |
| 8  | Spread of <i>Neisseria meningitidis</i> serogroup W clone, China                                                                                   | Haijian Zhou, Wei Liu, Li Xu, Lili Deng, Qiuyun Deng, Jiatong Zhuo, Zhujun Shao                                                                                                                                                                       |
| 9  | A large-scale community-based outbreak of paratyphoid fever caused by hospital-derived transmission in Southern China                              | Meiying Yan, Bo Yang, Zhigang Wang, Shukun Wang, Xiaohe Zhang, Yanhua Zhou, Bo Pang, Baowei Diao, Rusong Yang, Shuyu Wu, John D. Klena, Biao Kan                                                                                                      |
| 10 | Regional transmission of <i>Salmonella</i> Paratyphi A, China, 1998–2012                                                                           | Xin Lu, Zhenpeng Li, Meiying Yan, Bo Pang, Jialiang Xu, Biao Kan                                                                                                                                                                                      |

|    |                                                                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|----|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 11 | Molecular diagnostics and next-generation sequencing reveal real etiological characteristics of invasive <i>Salmonella</i> infection in febrile illness in Freetown, Sierra Leone | Jiayong Zhao, Xin Lu, Alie Tie, Esther Ngegba, Lili Wang, Lu Sun, Ying Liang, Michael K Abdulai, Sununu Bah, Gang Wang, Xiaoping Dong, Doris Harding, Biao Kan                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| 12 | Trans-regional and cross-host spread of <i>mcr</i> -carrying plasmids revealed by complete plasmid sequences — 44 countries, 1998-2020                                            | Zhe Li, Zhenpeng Li, Yao Peng, Xin Lu, Biao Kan                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 13 | <i>Salmonella enterica</i> subsp. II serovar 4,5,12:a:- may cause gastroenteritis infections in humans                                                                            | Meiying Yan, Yongming Zhou, Yang Cao, Zhenpeng Li, Xin Lu, Bo Pang, Shukun Wang, Biao Kan                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 14 | Whole-genome sequencing of rough <i>Brucella melitensis</i> in China provides insights into its genetic features                                                                  | Xiaowen Yang, Dongri Piao, Lingling Mao, Bo Pang, Hongyan Zhao, Guozhong Tian, Hai Jiang and Biao Kan                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 15 | gcType: a high-quality type strain genome database for microbial phylogenetic and functional research                                                                             | Wenyu Shi, Qinglan Sun, Guomei Fan, Sugawara Hideaki, Ohkuma Moriya, Takashi Itoh, Yuguang Zhou, Man Cai, Song-Gun Kim, Jung-Sook Lee, Ivo Sedlacek, David R. Arahal, Teresa Lucena, Hiroko Kawasaki, Lyudmila Evtushenko, Bevan S. Weir, Sarah Alexander, Dlauchy Denes, Somboon Tanasupawat, Lily Eurwilaichitr, Supawadee Ingsriswang, Bruno Gomez-Gil, Manzour H. Hazbon, Marco A. Riojas, Chatrudee Suwannachart, Su Yao, Peter Vandamme, Fang Peng, Zenghui Chen, Dongmei Liu, Xiuqiang Sun, Xinjiao Zhang, Yuanchun Zhou, Zhen Meng, Linhuan Wu, Juncai Ma |
| 16 | 我国部分产生志贺毒素肠出血性大肠埃希菌 0157:H7 脉冲电场凝胶电泳分型                                                                                                                                            | 逢波, 景怀琦, 郑翰, 孙晖, 赵爱兰, 徐建国                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 17 | 脉冲场凝胶电泳技术 (PFGE) 在分子分型中的应用现状                                                                                                                                                      | 王莉莉, 徐建国                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 18 | Optimization of pulsed-field gel electrophoresis for <i>Legionella pneumophila</i> subtyping                                                                                      | Haijian Zhou, Hongyu Ren, Bingqing Zhu, Biao Kan, Jianguo Xu, Zhujun Shao                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 19 | Comparison of different electrophoretic parameters of pulse-field gel electrophoresis for <i>Vibrio cholerae</i> subtyping                                                        | Jingyun Zhang, Baowei Diao, Na Zhang, Zhigang Cui, Lijuan Zhang, Jianguo Xu, Biao Kan                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 20 | 宏基因组测序在腹泻暴发调查中的应用                                                                                                                                                                 | 崔志刚, 遇晓杰, 赵嘉咏, 张剑峰, 周海健, 李臻鹏, 阚飙, 卢昕                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |

## 五、主要完成人及完成单位情况

| 排名 | 姓名  | 单位                 |
|----|-----|--------------------|
| 1  | 阚 飙 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 2  | 徐建国 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 3  | 崔志刚 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 4  | 周海健 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 5  | 逢 波 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 6  | 卢 昕 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 7  | 杜小莉 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 8  | 李 伟 | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 9  | 吴林寰 | 中国科学院微生物研究所        |
| 10 | 倪士荣 | 中科软科技股份有限公司        |
| 11 | 扈庆华 | 深圳市疾病预防控制中心        |
| 12 | 曲 梅 | 北京市疾病预防控制中心        |
| 13 | 寇增强 | 山东省疾病预防控制中心        |
| 14 | 赵嘉咏 | 河南省疾病预防控制中心        |
| 15 | 陈 敏 | 上海市疾病预防控制中心        |

六、主要完成单位及排名情况

| 排名 | 单位名称               |
|----|--------------------|
| 1  | 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 |
| 2  | 中国科学院微生物研究所        |
| 3  | 中科软科技股份有限公司        |
| 4  | 深圳市疾病预防控制中心        |
| 5  | 北京市疾病预防控制中心        |
| 6  | 山东省疾病预防控制中心        |
| 7  | 河南省疾病预防控制中心        |
| 8  | 上海市疾病预防控制中心        |

公示单位：      签章

年      月      日