

# 拟推荐 2026 年中华医学科技奖候选项目/候选人 公示内容

<b>推荐奖种</b>	青年科技奖（非基础医学类）								
<b>项目名称</b>	抗生素相关性腹泻重要病原的检测监测技术体系的建立和应用								
<b>推荐单位/科学家</b>	中国疾病预防控制中心								
<b>项目简介</b>	<p>抗生素相关性腹泻（AAD）是临床上常见且危害严重的感染性疾病之一。在我国人口老龄化加剧及抗生素使用广泛背景下，艰难梭菌和产气荚膜梭菌作为关键病原体，其防控需求日益凸显。本项目历经十余年系统攻关，构建和创新应用“病原检测-监测溯源-机制解析”全链条技术体系，为我国 AAD 的科学防控提供了重要支撑，主要成果如下：</p> <p>1. 率先构建艰难梭菌精准识别与分型溯源技术体系并成功实现转化推广。针对“难培养、易漏检”的技术痛点，研发多重荧光 PCR 快速鉴定与毒素分型技术，大幅提升检出效率和准确率，减少疑难腹泻病例漏诊误诊，为临床精准诊治和监测提供核心技术支撑；建立 cgMLST 高分辨率溯源方案，纳入国家致病菌识别网，实现院内艰难梭菌感染（CDI）聚集事件的快速识别和精准溯源，为院感暴发调查提供关键技术手段；牵头制定国内首个 CDI 团体标准，填补该领域国内行业规范空白。通过全国性技术培训，推动各级疾控机构检测能力从无到有的跨越式发展。</p> <p>2. 创新产气荚膜梭菌毒素分型分子检测和精准溯源技术体系。构建优化 <math>\beta 2</math> 毒素编码基因（cpb2）高特异性 PCR 方法，显著提升毒素分型的灵敏度与特异性；针对型别多样、传统分型分辨率不足的局限，确立以 cgMLST 与 cgSNP 分析为核心的优选溯源策略，为疫情调查提供有效技术手段；创新应用 <math>\alpha</math> 毒素（PLC）序列分型，成功鉴定多个新亚型，为近源菌株分型提供新方法；深入解析毒素基因多态性及典型氨基酸突变位点，为菌株精准分型和中和抗体研发奠定基础。</p> <p>3. 构建国内首个多中心跨物种主动监测网络，系统揭示病原演化传播特征。自“十二五”起，在全国数十个省份持续开展哨点监测和专项调查，系统分析两种病原体跨物种传播动态；搭建国内唯一的艰难梭菌核糖体分型标准化数据库，实现分型数据的标准化与跨机构可对比，显著提升室间检测一致性及国际流行高致病株的识别能力。首次系统绘制我国不同地域、来源、人群、时间维度的产气荚膜梭菌和艰难梭菌的病原特征图谱，完善“动物-人”传播链流行调查数据体系，为评估动物源性传播风险、解析跨物种传播规律提供关键科学依据。</p> <p>4. 首次发现艰难梭菌和产气荚膜梭菌毒力、耐药和进化新特征。率先报道两株高毒力新亚型艰难梭菌（CD10010、CD12038），系统评估其致病力；首次报道 Tn4453a/b 转座子中 catD 基因被 aac(6')-aph(2") 耐药基因取代的新现象，获国际同行认可，大幅提升我国 CDI 突发疫情的风险识别与预警能力。首次揭示我国不同来源产气荚膜梭菌的高度遗传异质性，以及人源和动物源分离株耐药谱存在显著差异，且多重耐药（MDR）株的比例显著低于国际报道水平，为精准诊治提供有效科学依据。</p> <p>本项目累计发表代表性论文 60 余篇，牵头制定团体标准 1 项，获批软件著作权 1 项，实现技术转化 260 万元，培养博士、硕士研究生 20 余名。成果已在全国各级疾控和医疗机构规模化推广，大幅提升我国抗生素相关性腹泻病原体的精准识别与科学防控能力，为临床精准诊治和防控策略制定提供了关键支撑，具有重大的科学价值、临床意义和社会效益。</p>								
<b>代表性论文目录</b>									
序号	论文名称	刊名	年,卷(期)及页码	影响因子	全部作者(国内作者须填写中文姓名)	通讯作者(含共同,国内作者须填写中文)	检索数据库	他引总次数	通讯作者单位是否含国外单

						姓名)			位
1	New ribotype Clostridioides difficile from ST11 group revealed higher pathogenic ability than RT078	Emerging Microbes & Infections	2021年10(1)卷687-699页	19.568	古文鹏, 王文广, 李文革, 李娜, 王媛媛, 张文竹, 陆彩霞, 全品芬, 罕园园, 孙晓梅, 卢金星, 吴媛, 代解杰	吴媛, 代解杰	SCI数据库	13	否
2	Independent Microevolution Mediated by Mobile Genetic Elements of Individual Clostridium difficile Isolates from Clade4 Revealed by Whole-Genome Sequencing	mSystems	2019年4(2)卷e00252-18页	6.633	吴媛, 刘臣, 李文革, 徐俊丽, 张文竹, 戴一菲, 卢金星	卢金星	SCI数据库	17	否
3	A rapid multiplex real-time PCR detection of toxigenic Clostridioides difficile directly from fecal samples	3 Biotech	2023年13(2)卷54页	2.6	贾筱溪, 王媛媛, 张文竹, 李文革, 白璐璐, 卢金星, 马超锋, 吴媛	吴媛	SCI数据库	8	否
4	Application of a core genome sequence typing (cgMLST) pipeline for surveillance of Clostridioides difficile in China	Frontiers in Cellular and Infection Microbiology	2023年13卷1109153页	4.6	王媛媛, 谢露, 张文竹, 杜小莉, 李文革, 白璐璐, 崔志刚, 吴媛, 卢金星	吴媛	SCI数据库	4	否
5	Molecular characteristics and phylogenetic analysis of Clostridium perfringens from different regions in China, from	Frontiers in Microbiology	2023年14卷1195083页	4	钟佳鑫, 郑浩然, 王媛媛, 白璐璐, 杜小莉, 吴媛, 卢金星	吴媛	SCI数据库	20	否

	2013 to 2021								
6	我国艰难梭菌核糖体分型库的标准化及应用	中华流行病学杂志	2019年40(12)卷1624-1628页	0.7748	张鑫,张文竹,李文革,赵红庆,武艳华,李虎,刘正洁,吴媛,卢金星	吴媛	CSCD数据库	1	否
7	Microevolution within ST11 group Clostridioides difficile isolates through mobile genetic elements based on complete genome sequencing	BMC Genomics	2019年20(1)卷796页	3.594	吴媛,杨林,李文革,张文竹,刘正洁,卢金星	吴媛,卢金星	SCI数据库	3	否
8	Molecular characterization of Clostridium difficile Isolates in China from 2010 to 2015	Frontiers in Microbiology	2018年9卷845页	4.259	刘笑舒,李文革,张文竹,吴媛,卢金星	吴媛,卢金星	SCI数据库	35	否
9	Antibiotic resistance of clinical isolates of Clostridioides difficile in China and its association with geographical regions and patient age	Anaerobe	2019年60期102094页	2.709	李虎,李文革,张文竹,于栓宝,刘正洁,张鑫,吴媛,卢金星	吴媛	SCI数据库	16	否
10	The molecular characters and antibiotic resistance of Clostridioides difficile from economic animals in China	BMC Microbiology	2020年20卷70页	3.605	张文竹,李文革,刘玉庆,古文鹏,张庆,李虎,刘正洁,张鑫,吴媛,卢金星	吴媛	SCI数据库	18	否

### 知识产权证明目录

序号	类别	国别	授权号	授权时间	知识产权具体名称	全部发明人
1	中国计算机软件	中国	2019SR0951673	2019-06-02	艰难梭菌智能检测系	张雯、吴媛、韩娜、

著作权				统[简称：CDIP]1.0	彭贤慧、张婷婷、 强裕俊、李秀文
-----	--	--	--	---------------	---------------------

### 完成人情况表

姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
吴媛	1	中国疾病预防控制中心传染病预防控制所	中国疾病预防控制中心 传染病预防控制所	研究员	科室主任
对本项目的贡献	对项目所列的第一、二、三、四项创新点有贡献。主要负责牵头制定项目的整体研究思路和技术路线，统筹协调检测技术研发、数据库搭建、监测网络建设等各项工作，带领团队构建艰难梭菌和产气荚膜梭菌标准化分离培养、毒力耐药检测、α毒素序列分型、核糖体分型及cgMLST与cgSNP溯源策略等，主导完成多重荧光定量PCR检测技术的研发与转化，牵头起草并发布《艰难梭菌感染诊断》团体标准，推动技术在全国广泛应用。主要贡献支撑材料：附件1-1~1-10，2-1，7-1，7-10，7-18~7-20。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
白璐璐	2	中国疾病预防控制中心传染病预防控制所	中国疾病预防控制中心 传染病预防控制所	助理研究员	无
对本项目的贡献	对项目所列的第一、二、三、四项创新点有贡献。主要参与艰难梭菌和产气荚膜梭菌检测溯源技术体系的构建，负责部分实验验证与数据分析工作，并参与多中心跨物种主动监测网络的构建与运行，负责临床分离株及样本的收集与整理工作，完成流行病学数据分析，并参与全国范围内的技术培训与推广应用工作。主要贡献支撑材料：附件1-3，1-4，1-5，7-10，7-19。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
张文竹	3	中国疾病预防控制中心传染病预防控制所	中国疾病预防控制中心 传染病预防控制所	实习研究员	无
对本项目的贡献	对项目所列的第一、二、三、四项创新点有贡献。主要参与艰难梭菌和产气荚膜梭菌检测溯源技术体系的构建，协助完成实验验证与数据分析，揭示双病原流行病学特征与规律，并参与我国艰难梭菌核糖体分型标准库的建设，完成大规模本土菌株的分型分析，为数据库完善提供支撑。主要贡献支撑材料：附件1-1~1-4，1-6~1-10，7-10，7-19。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
卢金星	4	中国疾病预防控制中心传染病预防控制所	中国疾病预防控制中心 传染病预防控制所	研究员	无
对本项目的贡献	对项目所列的第一、二、三、四项创新点有贡献。参与项目整体方案设计，在检测技术研发方向、分型平台建设思路、监测网络布局等方面提供重要指导，指导《艰难梭菌感染诊断》团体标准（T/CPMA 008—2020）的完善，对项目技术成果在疾控机构和医院的推广应用提供指导建议，推动技术转化与标准化成果的落地实施。主要贡献支撑材料：附件1-1~1-10，7-1，7-18~7-19。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
古文鹏	5	云南省疾病预防控制中心 (云南省预防医学科学院)	云南省疾病预防控制中心 (云南省预防医学科学院)	副主任技师	无
对本项目的贡献	对项目所列的第一、四项创新点有贡献。主要参与开展云南省艰难梭菌实验与流行病学研究，进行病原分离、鉴定和分子分型，对艰难梭菌特殊菌株开展致病性和致病机制研究，共同发表研究论文，并作为主要完成人，参与起草制定《艰难梭菌感染诊断》团体标准。主要贡献支撑材料：附件1-1，1-10，7-1，7-18。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务

刘玉庆	6	山东省农业科学院畜牧兽医研究所	山东省农业科学院畜牧兽医研究所	研究员	学术委员会主任
对本项目的贡献	对项目所列的第三项创新点有贡献。主要参与动物源样本的现场采样与菌株分离工作，协助完成动物源病原体的分子分型与耐药谱分析，并共同发表研究论文，揭示了人与动物分离株耐药谱的显著差异，为跨物种传播风险评估提供了关键实验数据。主要贡献支撑材料：附件 1-10，7-19。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
伏晓庆	7	云南省疾病预防控制中心 (云南省预防医学科学院)	云南省疾病预防控制中心 (云南省预防医学科学院)	主任医师	所长
对本项目的贡献	对项目所列的第一、四项创新点有贡献。主要参与云南省艰难梭菌检测技术指导、菌株分子流行病学监测以及研究课题设计等，并作为主要完成人，参与起草制定《艰难梭菌感染诊断》团体标准。主要贡献支撑材料：附件 7-1，7-18。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
郭水龙	8	首都医科大学附属北京友谊医院	首都医科大学附属北京友谊医院	研究员	科技处处长
对本项目的贡献	对项目所列的第一、二项创新点有贡献。主要参与艰难梭菌和产气荚膜梭菌的厌氧分离培养与菌种鉴定技术的研究，优化样本前处理方案，指导技术人员规范实验操作，为技术体系构建提供了基础数据。主要贡献支撑材料：附件 7-19。				
<b>完成单位情况表</b>					
单位名称	中国疾病预防控制中心传染病预防控制所			排名	1
对本项目的贡献	<p>本单位作为项目第一完成单位，全面负责项目总体设计、组织实施与统筹协调，为项目顺利完成提供保障。</p> <p>1. 依托本单位国家重点实验室及生物安全平台，为项目提供了样本检测、菌株分离培养、全基因组测序等实验条件，BioNumerics 7.6、毛细管电泳等关键设备，保障了检测技术研发、分型数据库搭建及测序分析等工作顺利开展。</p> <p>2. 组织包括流行病学、微生物学等多学科背景的科研骨干参与研究，形成一支结构合理、协作高效的研究团队。同时，依托国家致病菌识别网，协调全国多个省份疾控机构和哨点医院，建立多中心跨物种主动监测网络，为大规模样本收集和流行病学调查提供保障。</p> <p>3. 统筹项目进度，组织关键技术攻关，协调各合作单位分工协作，确保研究按期完成。牵头组织《艰难梭菌感染诊断》团体标准的起草、论证与发布工作，推动检测技术的成果转化，并积极组织项目成果在多家疾控机构和医院的应用推广，促进研究成果向实际防控能力转化。</p>				
单位名称	云南省疾病预防控制中心（云南省预防医学科学院）			排名	2
对本项目的贡献	<p>1. 本单位作为主要完成单位，参与制定了我国《艰难梭菌感染诊断》团体标准。在云南省内应用推广艰难梭菌和产气荚膜梭菌的检测和监测技术，主要涉及哨点医院的样本采集、各级疾病预防控制中心的实验检测、结果的分析和流行病学调查研究等。</p> <p>2. 通过应用该技术体系，初步掌握了云南省艰难梭菌在不同地区、人群中的感染现状和流行特征。在艰难梭菌流行病学研究、菌株分子分型研究和基因组学研究等领域均做出了开创性工作。同时，在应对突发、新发艰难梭菌病原监测预警等方面发挥了重要作用。</p>				
单位名称	山东省农业科学院畜牧兽医研究所			排名	3

对本项目的贡献	<p>1. 本单位作为项目主要完成单位，主要负责动物源样本的现场采样与菌株分离工作。累计采集乳牛犊、猪、绵羊、鸡等经济动物粪便样本近千份，为项目提供了关键菌株资源与基础数据支撑。</p> <p>2. 协助完成动物源病原体的分子分型与耐药谱分析，系统揭示了人与动物分离株耐药谱的显著差异，系统阐明了我国经济动物中艰难梭菌和产气荚膜梭菌的流行特征、优势型别与耐药状况，为评估跨物种传播风险、完善“动物-人”传播链数据体系提供了关键实验数据。</p>		
单位名称	首都医科大学附属北京友谊医院	排名	4
对本项目的贡献	<p>1. 本单位作为项目主要完成单位，参与艰难梭菌和产气荚膜梭菌的厌氧分离培养与菌种鉴定技术研究。系统优化了粪便样本前处理方案，并建立了规范化的厌氧培养标准操作程序（SOP），显著提升了两菌的检出效率与阳性率。</p> <p>2. 本单位指导技术人员规范实验操作，确保不同批次、不同来源样本检测结果的稳定性与可重复性，为后续分子分型、全基因组测序及耐药性分析提供了关键的菌株资源与基础数据支撑，有力保障了项目检测溯源技术体系的构建与推广应用。</p>		