

全国创新争先奖推荐书

(推荐科技工作者个人用)

候选人：高福

所在单位：中国疾病预防控制中心

推荐渠道：中华医学会

推荐类别：全国创新争先奖章
全国创新争先奖状

推荐领域：科学研究、技术开发、重大装备和
工程攻关
转化创业
科普及社会服务

填报日期：2017年4月21日

人力资源社会保障部
中国科协
科技部
国务院国资委
制

基本信息

推荐人 选	姓名	高福	性别	男
	国籍	中国	政治面貌	中共党员
	最高学历	研究生	最高学位	博士
	行政级别	司厅局级	专业技术 职务	研究员
	工作单位 及职务	中国疾病预防控制中心 副主任		
	学科领域	病原微生物与免疫学/公共卫生		
推荐类别	<input checked="" type="checkbox"/> 全国创新争先奖章 <input type="checkbox"/> 全国创新争先奖状			
推荐领域	<input checked="" type="checkbox"/> 科学研究、技术开发、重大装备和工程攻关 <input type="checkbox"/> 转化创业 <input type="checkbox"/> 科普及社会服务			

主要工作经历（6项以内）

起止年月	工作单位	职务/职称
2015.07-	中国科学院大学医学院	院长
2011.05-	中国疾病预防控制中心	副主任
2008.01-	中国科学院北京生命科学研究院	副院长
2004.03-	中国科学院微生物研究所	所长（2004-2008）、研究员、博导
2001.10-2004.03	牛津大学临床医学系	高级研究员、讲师、博导
1994.09-2001.10	卡尔加里大学、牛津大学、哈佛大学	博士后

国内外重要社会任（兼）职（6项以内）

起止年月	名 称	职务/职称
2015.12-2020.12	中国生物工程学会	理事长
2015.12-2020.12	中华医学会	副会长
2015-	亚洲生物技术联盟（AFOB）	主席
2014.10-2018.10	中国免疫学会	副理事长
2013.7-2017.6	中国生物物理学会	副理事长
2006-	国际抗病毒联盟（ICAV）	执委会委员

重要成果列表

（根据推荐领域，分别填写候选人获得的重要科技奖项，发明专利，代表性论文和著作，重大装备和工程相关重要成果，转化创业成果，重大科技类社会化公共服务产品等，按照上述顺序填写，总计不超过 15 项。）

序号	基本信息	本人作用和主要贡献（限 100 字）
1.	我国首次对甲型 H1N1 流感大流行有效防控及集成创新性研究，2014 年国家科学技术进步奖一等奖， 2014-J-23302-1-01-R12，侯云德等，排名 12	针对2009年H1N1流感大流行，解析了2009甲型流感病毒囊膜蛋白HA和NA的晶体结构，阐明了2009甲型流感病毒HA抗原特征，并提出了基于结构的药物和疫苗设计的策略。
2.	我国新现超强致病链球菌跨种传播致中毒性休克机制破解和侦检防，2014 年国家科学技术进步奖二等奖， 2014-J-24400-2-01-R02，唐家琪等，排名 2	首次在国际上揭示了2型猪链球菌引起中毒性休克。并主持设计了猪链球菌的毒力相关基因的结构和功能研究。发现了一个89K的毒力岛，并对该毒力岛的进化过程进行了分析。
3.	生物战剂和自然疫源性疾病预防抗体筛选制备关键技术建立及应用，生生物战剂和自然疫源性疾病预防抗体筛	针对禽流感、西尼罗病毒、猪链球菌等自然疫源性疾病预防建立了抗原鉴定、抗体筛选制备等控防关键技术。

	选制备关键技术建立及应用,2011 年国家科技进步奖二等奖, 2011-J-24400-2-05-R04, 排名 4	
4.	一种新现高致病性细菌的发现及其毒力进化和防控研究, 2011 年中华医学科技奖一等奖, 201101166, 唐家琪等, 排名 2	通过全基因组测序, 对1998年和2005年分离自我国的高致病性猪链球菌与标准株 1/7基因组进行了比较分析, 发现了一个 89K的毒力岛, 并对该毒力岛的进化过程进行了分析。
5.	我国高致病性 2 型猪链球菌分离鉴定、检定分型及分子致病机理的研究, 2011 年中华预防医学会科学技术奖一等奖, 20111007, 唐家琪等, 排名 2	提出了新的猪链球菌感染引起人疾病的病型-中毒性休克, 并对相关致病基因进行了结构和功能研究。提出了革兰氏阳性菌IV分泌系统最小分子模型。
6.	甲型 H1N1 流感的临床和应用基础研究, 2011 年北京市科学技术奖一等奖, 2010 医-1-002, 王辰等, 排名 4	解析了2009甲型流感病毒囊膜蛋白HA和NA的晶体结构, 阐明了2009甲型流感病毒HA抗原特征, 并提出了基于结构的药物和疫苗设计的策略。
7.	Ebola viral glycoprotein bound to its endosomal receptor Niemann-Pick C1, 2016, 通讯作者, Cell	唯一通讯作者、实验设计指导与论文撰写。揭示了埃博拉病毒进入细胞后在内吞体里发生的入侵机制, 从分子水平阐释了一种新的病毒膜融合激发机制(第五种机制)。“埃博拉病毒入侵人体机制被破解”入选中国2016年度十大医学科技新闻。被引频次: 21。
8.	Zika virus causes testis damage and leads to male infertility in mice, 2016, 通讯作者, Cell	主要通讯作者、实验设计指导与论文撰写。发现寨卡病毒在小鼠模型中引起睾丸损伤并最终导致雄性不育, 从全新的角度揭示了寨卡病毒对人类健康可能存在的影晌。
9.	Genetic diversity and evolutionary dynamics of Ebola virus in Sierra	通讯作者、实验设计指导与论文撰写。带领移动医疗检测队亲临援非工作现场, 通过对175株埃博拉病毒进行全基因组测序, 揭示了埃博拉病毒在塞拉利昂的传播规律, 指出了病毒稳

	Leone, 2015, 通讯作者, Nature	定的变异速率。被引频次: 52。
10.	Influenza and the live poultry trade, (Editorial), 2014, 1, Science	唯一作者。针对禽流感, 以及与其相关的家禽市场管理进行了论述, 指出科学研究证明了活禽市场与流感传播之间的关联, 关闭活禽市场势在必行。被引频次: 26。
11.	On the ground in Sierra Leone, (Working Life), 2014, 1, Science	第一作者。2014 年埃博拉疫情在西非爆发, 中国政府派出首批 62 名工作人员组成首批移动实验室检测队出征塞拉利昂, 高福院士受命任中国 CDC 实验室检测队前方工作组副组长, 主要负责与国际组织的沟通、外联等工作, 工作期间发表了题为现场工作纪实文章。被引频次: 15。
12.	Structures and receptor binding of hemagglutinins from human-infecting H7N9 influenza viruses, 2013, 通讯作者, Science	唯一通讯作者、实验设计指导与论文撰写。阐明安徽株 (Anhui/1/2013) 由于获得人源受体结合能力从而能有效感染人群。同时, 发现 Q226L 氨基酸突变有助于 H7N9 病毒的 HA 蛋白获得人源受体结合能力, 但不是唯一关键位点, 并阐明了受体结合特性发生变化的结构基础。被引频次: 104。
13.	Molecular basis of novel human coronavirus MERS-CoV bound to its receptor CD26, 2013, 通讯作者, Nature	唯一通讯作者、实验设计指导与论文撰写。率先鉴定了病毒囊膜刺突蛋白中与宿主受体 CD26 分子相互作用的受体结合区, 并解析了该受体结合区与 CD26 的复合物晶体结构, 从而在分子层面揭示了 MERS-CoV 的受体识别机制。被引频次: 131。
14.	An airborne transmissible avian influenza H5 hemagglutinin seen at the atomic level, 2013, 通讯作者, Science	唯一通讯作者、实验设计指导与论文撰写。国际上首次从分子水平对重要氨基酸突变能够导致 H5N1 病毒于哺乳动物间获得空气传播能力这一重要现象进行解析, 是禽流感跨种传播研究领域的重要突破。被引频次: 58。
15.	Origin and diversity of novel H7N9 avian influenza viruses causing	主要通讯作者、实验设计指导与论文撰写。对 2013 年暴发的 H7N9 禽流感病毒进行了分子进化及溯源研究。发现了 H7N9 禽流

	human infections: phylogenetic, structural, and coalescent analyses, 2013, 通讯作者, The Lancet	感病毒是一种新型的重配病毒, 与长江三角地区迁徙鸟和鸡鸭有关。被引频次: 302。
--	---	---