

2026 年中华医学科技奖候选项目/候选人
公示内容

推荐奖种	医学科学技术奖（非基础医学类）								
项目名称	大数据驱动的结核病关键防治技术建立和推广应用								
推荐单位/科学家	首都医科大学								
项目简介	结核病是目前单一致死率最高的传染性疾病，我国病例数居全球第三位。尽管国家对防治投入巨大，但发病率仍下降缓慢。其原因①流行规律缺乏深刻认识；②精准防治策略缺乏有效技术突破。据此项目组创建结核病大数据统计分析平台，充分应用复杂统计模型，创新 M. TB 遗传进化算法，对我国结核病网络直报（>1000 余万例）和全球结核分枝杆菌（>2 万株）基因组大数据进行深度挖掘，取得了以下突破： 1. 阐明我国结核病流行新规律，证实了只有“主动发现”策略才能实现 WHO 目标。 1）阐明在 2005-2016 年间中国肺结核发病率由 72.95/10 万降至 52.18/10 万，东、中部发病率下降幅度明显高于西部地区。小于 15 岁的儿童结核病漏报严重。中国防痨协会给予该工作高度肯定。2）发现我国结核病时间、空间和时空聚集的 12 个区域，其中包括新疆南部等地。3）证实如果一味沿用我国现行“因症就诊”的防控策略，将无法实现 WHO 2025 年的目标。必须制定新的主动发现策略。 2. 揭示结核分枝杆菌（M. TB）遗传进化规律，并将此新技术应用于人口密度高、流动性强的大都市耐药 TB 监测。1）率先构建 VNTR、LSP 和 WGS 等 M. TB 基因分型新技术。获批 4 项国家发明专利。2）全面阐明 M. TB 谱系 2（北京基因型）在我国起源、优势流行和全球播散特征。3）率先运用基因组流行病学新技术监测北京、深圳等大都市耐多药 TB 传播规律，发现了新的传播场所（工厂、学校和大型社区内的超市等），提高了流调溯源能力。 3. 建立监测治疗的 M. TB 微进化新技术。1） 率先建立了基于体内 M. TB 超深度全基因组数据的多药联用患者治疗效果监测纵向队列。2）发现及时、准确的基因组耐药微进化监测对顺利治愈结核病意义重大。美国加州大学 STEPHANIE 教授以“The path of least antibiotic resistance（避免抗生素耐药之捷径）”为题配发述评。 本项目共获得 16 项国家及省部级科研项目资助，发表相关论文 150 余篇，其中 SCI 论文 100 余篇。提交的高质量学术论著 20 篇主要发表于 Genome Biol, Clin Infect Dis、JAMA Network open 和《中华流行病学杂志》等国内外权威杂志，他引 486 次。培养研究生 65 人。建立了中美结核病国际交流与合作平台。总结的经验在全国推广应用，在高效预防和治疗结核病患者的同时保障了经济发展，具有巨大的社会效益好经济效益。								
代表性论文目录									
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姓名）	检索数据库	他引总次数	通讯作者单位是否含国外单位
1	Changes in Incidence and Epidemiological Characterist	JAMA Network Open	2021, 4(4): e215302	9.7	姜慧, 刘梦阳, 张英杰, 尹金凤, 李志伟, 朱晨迪, 李琪欢, 罗翔宇, 纪婷婷, 张	李卫民, 郭秀花	ISI Web of Science	49	否

	ics of Pulmonary Tuberculosis in Mainland China, 2005-2016				俊杰, 杨阳, 王肖楠, 罗艳霞, 陶丽新, 张峰, 刘湘彤, 李卫民, 郭秀花				
2	The epidemiology of pulmonary tuberculosis in children in Mainland China, 2009-2015	Archives of Disease in Childhood	2020 Apr;105(4):319-325	3.2	杨汝铃, 刘梦阳, 姜慧, 张英杰, 尹金风, 李琪欢, 刘阳, 王肖楠, 徐浩, 杨阳, 李卫民, 郭秀花	李卫民, 郭秀花	ISI Web of Science	19	否
3	Spatial and temporal clustering analysis of tuberculosis in the mainland of China at the prefecture level, 2005-2015	Infectious Diseases of Poverty	2018, 7: 7	5.5	刘梦阳, 李琪欢, 张英杰, 马跃, 刘阳, 冯伟, 侯成北, Amsalu E, 李雪, 王巍, 李卫民, 郭秀花	李卫民, 郭秀花	ISI Web of Science	60	否
4	Characteristics of distribution of Mycobacterium tuberculosis lineages in China	Science China Life Sciences	2018, 61(6): 651-659	9.5	陈海霞, 何莉, 蔡超, 刘静怡, 贾俊楠, 马亮, 黄海荣, 王黎霞, 倪旭敏, 高基民, 李卫民	倪旭敏, 高基民, 李卫民	ISI Web of Science	14	否
5	Transmission of Multidrug-Resistant Tuberculosis in Beijing, China: An Epidemiological and Genomic Analysis	Frontiers in Public Health	2022, 10: 846253	3.4	尹金风, 张红伟, 高志东, 姜慧, 秦李祎, 朱晨迪, 高谦, 贺晓新, 李卫民	贺晓新, 李卫民	ISI Web of Science	11	否
6	The Global Success of Mycobacterium tuberculosis Modern Beijing Family Is Driven by a Few Recently Emerged Strains	Microbiology Spectrum	2023, 11(3): e000XXX-23	3.8	朱晨迪, 杨婷婷, 尹金风, 姜慧, Howard E. Takiff, 高谦, 柳清云, 李卫民	柳清云, 李卫民	ISI Web of Science	16	是

7	Citywide Transmission of Multidrug-resistant Tuberculosis Under China's Rapid Urbanization : A Retrospective Population-based Genomic Spatial Epidemiological Study	Clinical Infectious Diseases	2020, 71(3): 947-959	7.3	江琦, 柳清云, 季乐才, 李金莉, 曾亚玲, 孟良光, 罗舸阳, 杨崇广, Howard E. Takiff, 杨征, 谭卫国, 余卫业, 高谦	谭卫国、余卫业、高谦	ISI Web of Science	66	否
8	Assessment of Strategies and Epidemiological Characteristics of Tuberculosis : Observational Study	JMIR Public Health and Surveillance	2021, 7(1): e24830	3.9	姜慧, 张国龙, 尹金凤, 赵东阳, 柳芳超, 要玉霞, 蔡超, 徐吉英, 李新伟, 许王莉, 李卫民	许王莉, 李卫民	ISI Web of Science	11	否
9	The within-host population dynamics of Mycobacterium tuberculosis vary with treatment efficacy	Genome Biology	2017, 18: 71	9.4	Andrej Trauner, 柳清云, Laura E. Via, 刘晓, 阮欣, 梁丽丽, 石慧敏, 陈莹, 王子玲, 梁瑞霞, 张伟, 魏伟, 高金才, 孙刚, Daniela Brites, Kathleen England, 张国龙, Sébastien Gagneux, Clifton E. Barry III, 高谦	张国龙, Sébastien Gagneux, Clifton E. Barry III, 高谦	ISI Web of Science	85	是
10	A modified Hosmer-Lemeshow test for large data	Journal of Statistical Computational	2017, 87(15): 3121-3132	4.5	余味, 许王莉, 朱力行	朱力行	ISI Web of Science	22	否

	sets	on and Simulation							
--	------	----------------------	--	--	--	--	--	--	--

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	中国发明专利	中国	ZL 2019 1 0805565. X	2022-11-11	1073 个 SNP 位点在结核分枝杆菌谱系 3 中的应用	朱晨迪,李卫民,李青,贾俊楠
2	中国发明专利	中国	ZL 2021 1 0884784. 9	2022-07-12	一种用于鉴定结核分枝杆菌复合群的 SNP 分子标记、PCR 引物及应用	朱晨迪,贾俊楠,李卫民
3	中国发明专利	中国	ZL 2021 1 1111194.9	2024-01-09	一种 SNP 分子标记、PCR 引物及应用	李卫民,朱晨迪,贾俊楠
4	中国发明专利	中国	ZL 2023 1 0340239.2	2024-04-30	一种用于结核分枝杆菌谱系 2.3 亚型菌株进行鉴定的方法及其应用	朱晨迪,李卫民,侯悦

完成人情况表

姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
李卫民	1	首都医科大学附属北京胸科医院	首都医科大学附属北京胸科医院	教授,研究员	无
对本项目的贡献	对第 1-4 创新点做出贡献, 阐明我国结核病流行变化趋势、揭示结核分枝杆菌 (M.TB) 遗传进化分支在我国和全球的流行趋势。旁证材料见附件 7.1- 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7; 7.2-1, 2, 3, 4。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
姜慧	2	首都医科大学附属北京胸科医院	首都医科大学附属北京胸科医院	副研究员	图书馆副主任
对本项目的贡献	对第 1 创新点做出贡献, 阐明我国结核病流行新规律, 证实了只有“主动发现 ”策略才能实现 WHO 目标。旁证材料见附件 7.1-1, 2, 5, 8。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
郭秀花	3	首都医科大学	首都医科大学	教授	主任
对本项目的贡献	对第 1 创新点做出贡献, 大数据统计模型算法给予支撑。旁证材料见附件 7.1-1, 2, 3。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
许王莉	4	中国人民大学	中国人民大学	教授	副院长
对本项目的贡献	对第 1 创新点做出贡献, 大数据统计模型算法给以支撑。旁证材料见附件 7.1-8, 10。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
江琦	5	武汉大学	武汉大学	讲师	无
对本项目的贡献	本项目聚焦于大数据驱动的结核病关键防治技术建立和推广, 在基于全结核病患者样本的基因组流行病学研究设计下, 本人利用全基因组测序技术解析以深圳市为代表的城市地区耐药结核病的传播与耐药进化规律,				

	结合空间流行病学方法，刻画典型的城市内跨区域传播模式，强调了城市地区对流动人口的传染病监测，并提出基于分子证据的传播链追溯阻断手段，为本项目提供了前沿的技术应用与推广示例。旁证材料见 7.1-7。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
张国龙	6	河南省疾病预防控制中心	河南省疾病预防控制中心	主任医师	所长
对本项目的贡献	对第 3 创新点做出贡献，建立监测治疗的 M.TB 微进化新技术。旁证材料见附件 7.1-9。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
贺晓新	7	北京市疾病预防控制中心	北京市疾病预防控制中心	主任医师	副主任
对本项目的贡献	对第 2 创新点做出贡献，揭示结核分枝杆菌（M.TB）遗传进化分支在北京市的耐药特征。旁证材料见附件 7.1-5。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
尹金凤	8	首都医科大学附属北京天坛医院	首都医科大学附属北京天坛医院	实习研究员	无
对本项目的贡献	对第 1 创新点做出贡献，阐明我国结核病流行新规律，证实了只有“主动发现”策略才能实现 WHO 目标。对第 2 创新点做出贡献，揭示结核分枝杆菌（M.TB）遗传进化分支在北京市的耐药特征。旁证材料见附件 7.1-1，2，5，6，8。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
朱晨迪	9	首都医科大学附属北京胸科医院	首都医科大学附属北京胸科医院	实习研究员	无
对本项目的贡献	对第 2 创新点做出贡献，揭示结核分枝杆菌（M.TB）遗传进化分支在全球的流行趋势，构建基于全基因组的结核病分型技术。旁证材料见附件 7.1-1，5，6；7.2-1，2，3，4。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
刘梦阳	10	河北医科大学	河北医科大学	讲师	无
对本项目的贡献	对第 1、2 创新点做出贡献，旁证材料见证明材料 7-1，1，3。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
张红伟	11	北京市疾病预防控制中心	北京市疾病预防控制中心	副主任医师	副所长
对本项目的贡献	对第 2 创新点做出贡献，揭示结核分枝杆菌（M.TB）遗传进化分支在北京市的耐药特征。旁证材料见附件 7.1-5。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
高志东	12	北京市疾病预防控制中心	北京市疾病预防控制中心	副主任医师	所长
对本项目的贡献	对第 1 创新点做出贡献，揭示结核分枝杆菌（M.TB）遗传进化分支在北京市的耐药特征。旁证材料见附件 7.1-5。				
完成单位情况表					
单位名称	首都医科大学附属北京胸科医院			排名	1

对本项目的贡献	首都医科大学附属北京胸科医院在本项目中的主要贡献体现在: 1)开展中国和北京市肺结核流行变化趋势研究,发表SCI论文2篇; 2)开展基于时空模型的中国和北京市结核病分布特征研究,发表SCI论文2篇; 3)开展了基于全基因组测序的中国和北京市耐多药结核分枝杆菌流行病学研究,发表SCI论文6篇: 4)采用动态房室模型和贝叶斯融合方法评估了结核病控制政策,发表SCI论文1篇。		
单位名称	首都医科大学	排名	2
对本项目的贡献	首都医科大学在本项目中的主要贡献体现在:1)开展中国和北京市肺结核流行变化趋势研究,发表SCI论文2篇;2)开展基于时空模型的中国和北京市结核病分布特征研究,发表SCI论文4篇。		
单位名称	中国人民大学	排名	3
对本项目的贡献	中国人民大学在本项目中的主要贡献体现在:1)开展北京市肺结核流行变化趋势研究,发表核心期刊1篇;2)开展统计模型算法研究,发表SCI论文2篇;3)采用动态房室模型和贝叶斯融合方法评估了结核病控制政策,发表SCI论文1篇。		
单位名称	武汉大学	排名	4
对本项目的贡献	武汉大学作为本项目参与人依托单位,为本项目的开展提供必要的平台支持。参与人在全国多现场开展结核病的分子流行病学研究,聚焦于利用全基因组测序等分子技术促进结核病的精准诊断与传播控制。基于这些研究工作,已发表SCI论文数篇,获湖北省自然科学基金1项。		
单位名称	北京市疾病预防控制中心	排名	5
对本项目的贡献	北京市疾病预防控制中心在本项目中的主要贡献体现在:1)开展北京市肺结核流行变化趋势研究,发表核心期刊论文1篇;2)开展了基于全基因组测序的北京市耐多药结核分枝杆菌流行病学研究,发表SCI论文1篇。		
单位名称	河南省疾病预防控制中心	排名	6
对本项目的贡献	河南省疾病预防控制中心在本项目中的主要贡献体现在:1)开展了基于全基因组测序的耐多药结核病治疗监测研究,发表SCI论文1篇;2)采用动态房室模型和贝叶斯融合方法评估了河南省结核病控制政策,发表SCI论文1篇。		
单位名称	首都医科大学附属北京天坛医院	排名	7
对本项目的贡献	首都医科大学附属北京天坛医院在本项目中的主要贡献体现在:1)开展了基于全基因组测序的北京市耐多药结核分枝杆菌流行病学研究,发表SCI论文1篇;2)开展北京市肺结核流行变化趋势研究,发表核心期刊论文1篇;3)采用动态房室模型和贝叶斯融合方法评估了结核病控制政策,发表SCI论文1篇。		
单位名称	河北医科大学	排名	8
对本项目的贡献	河北医科大学在本项目中的主要贡献体现在:1)开展中国肺结核流行变化趋势研究,发表SCI论文2篇;2)开展基于时空模型的中国结核病分布特征研究,发表SCI论文3篇。		
单位名称	北京市结核病胸部肿瘤研究所	排名	9
对本项目的贡献	北京市结核病胸部肿瘤研究所在本项目中的主要贡献体现在:开展了基于全基因组测序的中国耐多药结核分枝杆菌流行病学研究,发表高质量SCI论文1篇。		