

	2021
推荐奖种	医学科学技术奖
项目名称	结核潜伏感染的流行特征、发病机制及预防干预
推荐单位	推荐单位：中国医学科学院 推荐意见： 本项目集成流行病学、分子生物学和免疫学等多学科理论和方法，聚焦结核潜伏感染高危人群的预防干预这一重大需求，开展了大规模、多中心结核潜伏感染队列研究和随机对照干预研究。研究发现我国不同疫情地区的 5 周岁以上农村人口结核潜伏感染率不足两成，提示我国结核潜伏感染负担可能被高估，为开展结核潜伏感染干预的可行性提供了数据支撑；针对我国尚没有理想的预防性治疗方案的现状，开展了随机对照干预研究系统评价 WHO 推荐方案和自主创新的本土化超短程干预方案，获得了更符合我国人群药物代谢特征的 6 周超短程干预方案，完善了适宜国情的干预技术体系。同时，系统开展了感染发病机制和分子标识研究，鉴定了一批具有潜在应用价值的生物标志物并陆续实现转化，研发了首个从分子水平检测结核感染的新方法。以上研究成果初步阐明了我国结核潜伏感染负担、界定了社区干预目标人群、获得了适宜的超短程干预方案，形成了完整的研究技术体系和干预路径，为以“关口前移”为核心的新型结核病预防干预策略的制定提供了技术支撑。研究成果入选国家“十二五”科技创新成就展，两次作为封面推荐论文发表在 Lancet Infectious Diseases 杂志，并被 WHO 最新颁布的《结核病预防性治疗指南（2020 版）》引用，具有重要的科学意义和社会意义。我单位认真审核项目填报各项内容，确保材料真实有效，经公示无异议，推荐其申报 2021 年中华医学科技奖。
项目简介	我国始终位居全球结核病高负担国家的前列。针对结核潜伏感染高危人群开展预防性治疗可以有效降低发病率，这已经是全球共识。然而，我国结核潜伏感染负担及其流行特征还基本不清，发病高风险人群的界定和干预还处于探索阶段，尚未形成成熟的干预策略。本项目以探索适宜我国国情和人群特征的结核潜伏感染预防干预技术为目标开展了系统性的创新研究，取得如下代表性成果： 1.阐明了我国结核潜伏感染流行特征，界定了社区发病重点人群 开展了大规模、多中心的结核潜伏感染流行病学调查和队列研究。Lancet Infectious Diseases 杂志两次以封面推荐论文发表了研究成果：我国不同疫情地区 5 周岁及以上农村人口结核潜伏感染率为 13.5%-19.8%，远低于既往未排除卡介苗（BCG）接种等因素影响的感染率报告（44.5%）；首次获得我国潜伏感染人群的年发病率 0.87%（0.68%-1.07%），并提供了肺结核陈旧病灶人群是潜伏感染发病高危人群的流行病学证据，被世界卫生组织（WHO）2020 版《结核病预防性治疗指南》引用。 2.自主创新了符合我国人群特征的超短程干预方案，完善了干预技术体系 针对我国尚无理想的预防性治疗方案的现状，在 3900 例中老年潜伏感染者中对 WHO 推荐短程方案 and 创新的超短程方案开展了随机对照临床试验评价。研究发现推

	荐方案在我国中老年人群应用的严重不良反应发生率超出预警范围，而自主创新的6周超短程本土化方案在保障安全性的基础上表现出良好的依从性（80%）和两年保护效果（69%），该方案更符合中国人群的药物代谢特征。 3.在深入解析感染发病的自然进程及其分子标识，开发了感染检测新产品 在观察感染发病自然进程的基础上，利用前沿的实验室技术系统开展了发病机制和分子标识研究，鉴定了一批在鉴别发病高危人群、评价预防性治疗效果方面具有潜在应用价值的分子标识（细胞因子、micro RNA、分化抗原、基因多态性等）并陆续推向转化。自主研发的以 IP10 mRNA 为检测靶标的全新诊断方法，实现了结核感染检测技术由蛋白水平到基因水平的突破。 综上，项目初步阐明了我国结核潜伏感染负担、界定了社区干预目标人群、获得了感染检测新技术和预防性治疗超短程新方案，形成了完整的干预技术体系，为以“关口前移”为核心的新型结核病预防干预策略的制定提供了技术支撑，具有重要的科学意义和社会意义。
--	--

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	发明人
1	中国发明专利	中国	ZL 2012 1 0589473.0	2014-04-30	C1q 基因及其编码蛋白的用途	陈心春，杨倩婷，周伯平，蔡毅，张明霞，汤跃强，赵桅

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	通讯作者(含共同)	SCI 他引次数	他引总次数	通讯作者单位是否含国外单位
1	Latent tuberculosis infection in rural China: baseline results of a population-based, multicentre, prospective cohort study	Lancet Infect Dis	2015; 15(3): 310-9	24.446	金奇、成诗明、赵雁林	87	168	否
2	Incidence of active tuberculosis in individuals with latent tuberculosis	Lancet Infect Dis	2017; 17(10):1053-1061	24.446	金奇	24	43	否

	infection in rural China: follow-up results of a population-based, multicentre, prospective cohort study							
3	Nitric oxide prevents a pathogen-permissive granulocytic inflammation during tuberculosis	Nat Microbiol	2017; 2: 17072	15.54	陈心春 , Christopher M. Sassetti	82	89	是
4	Annual risk of tuberculosis infection in rural China: a population-based prospective study	Eur Respir J	2016; 48(1): 168-78	12.339	金奇 , 许卫国	7	8	否
5	Short-course regimens of rifapentine plus isoniazid to treat latent tuberculosis infection in older Chinese patients: a randomised controlled study	Eur Respir J	2018; 52(6): 1801470	12.339	金奇	6	16	否
6	A proline deletion in IFNAR1 impairs IFN-signaling and underlies increased resistance to tuberculosis in humans	Nat Commun	2018; 9(1):85	12.121	陈心春 , Carl G. Feng	16	18	是
7	The impact of combined gene mutations in ? inhA ? and ? ahpC ? genes on high levels	Emerg Microbes Infect	2018, 7(1):183.	5.776	金奇 , 赵雁林 , 张笑冰	4	8	否

	of isoniazid resistance amongst ? katG ? non-315 in multidrug-resistant tuberculosis isolates from China							
8	Co-occurrence of amikacin-resistant and susceptible Mycobacterium tuberculosis isolates in clinical samples from Beijing, China	J Antimicrobial Chemother	2013, 68(7): 1537-1542.	5.439	金奇	9	12	否
9	Genetic determinants involved in p-aminosalicylic acid resistance in clinical isolates from tuberculosis patients in north of China during 2006-2012	Antimicrobial Agents Chemother	2015, 59(2): 1320-1324.	4.904	金奇, 黄海荣	25	30	否
10	Growth factor receptor bound protein 2-associated binder 2, a scaffolding adaptor protein, negatively regulates host immunity against tuberculosis	Am J Resp Cell Mol	2014; 51(4): 575-585	5.373	金奇, 柯越海, 刘海鹰	2	4	否
11	Proteogenomic Analysis and Discovery of Immune Antigens in ? Mycobacterium vaccae	Mol Cell Proteomics	2017; 16(9): 1578-1590	4.87	金奇, 张笑冰, 杨剑	4	9	否
12	Exploration of novel	Mol Cell	2014;	4.87	金奇,	14	14	否

	cellular and serological antigen biomarkers in the ORFeome of Mycobacterium tuberculosis	Proteomics	13(3): 897-906		冯璐， 刘海鹰			
13	Analysis of the secretome and identification of novel constituents from culture filtrate of bacillus Calmette-Guerin using high-resolution mass spectrometry	Mol Cell Proteomics	2013; 12(8): 2081-95	4.87	金奇	23	26	否
14	Identification of a novel serum biomarker for tuberculosis infection in Chinese HIV patients by iTRAQ-based quantitative proteomics	Front Microbiol	2018, 9:330.	4.23 6	金奇、 王建民	12	15	否
15	Tuberculosis infection in rural labor migrants in Shenzhen, China: Emerging challenge to tuberculosis control during urbanization	Sci Rep	2017; 7(1):4457	3.99 8	高磊， 陈心春	5	5	否
16	Down-regulation of miR-20a-5p triggers cell apoptosis to facilitate mycobacterial clearance through targeting JNK2 in human	Cell Cycle	2016; 15(18):2527-2538	3.69 9	陈心春	17	26	否

	macrophages							
17	Combining blue native polyacrylamide gel electrophoresis with liquid chromatography tandem mass spectrometry as an effective strategy for analyzing potential membrane protein complexes of Mycobacterium bovis bacillus Calmette-Guérin	BMC Genomics	2011; 12: 40	3.59 4	金奇	15	23	否
18	A comprehensive proteomic analysis of Mycobacterium bovis bacillus Calmette-Guérin using high resolution Fourier transform mass spectrometry	J Proteomics	2012; 77: 357-71	3.50 9	金奇	15	17	否
19	Testing of tuberculosis infection among Chinese adolescents born after terminating the Bacillus Calmette-Guérin booster vaccination: subgroup analysis of a population-based cross-sectional study	Front Med	2017; 11(4): 528-535	3.29 7	高磊	4	5	否
20	Indicators for prediction of Mycobacterium	Infect Dis Poverty	2018; 7:22	3.06 7	陈心春	4	8	否

	tuberculosis positivity detected with bronchoalveolar lavage fluid							
--	---	--	--	--	--	--	--	--

主要完成人和主要完成单位情况

主要完成人情况	姓名：金奇 排名：1 职称：研究员,研究员 行政职务：所长 工作单位：中国医学科学院病原生物学研究所 对本项目的贡献：作为责任专家，在项目的实施过程中，负责审定研究设计和实施方案、项目督导和评估、科学咨询和决策等工作；同时开展项目总体设计并组织、协调合作团队开展结核潜伏感染的流行病学调查和队列研究，并在此基础上开展干预研究，经过系统性攻关，初步阐明了我国结核潜伏感染流行特征，界定了社区发病重点人群，创新了符合我国人群特征的超短程干预方案，完善了预防干预技术路径，同时在深入解析了潜伏感染发病自然进程和了解病原体特异性抗原组成的基础上鉴定了一批具有潜在应用价值的分子标识，为以“关口前移”为核心的预防干预策略的制定提供了技术支撑。(证明材料见 4-1,4-2,4-4,4-5,4-7 至 4-15,4-17 至 4-19) 姓名：高磊 排名：2 职称：研究员,研究员 行政职务：无 工作单位：中国医学科学院病原生物学研究所 对本项目的贡献：项目实施过程中，整体负责项目的研究设计、组织实施、协调管理、数据管理和分析以及研究报告和论文的撰写等工作。首次利用 IGRA 技术获得我国农村 5 周岁以上常住人口和代表性城市农民工的结核分枝杆菌潜伏感染率和年新发感染率，初步阐明了我国结核潜伏感染负担；通过队列观察界定了农村社区潜伏感染发病的重点人群，提出社区干预新思路；利用随机对照试验研究设计首次获得 6 周超短程干预方案（异烟肼+利福喷丁，6 周，每周两次，每次最大剂量 600mg）的两年保护效果，并开展了感染致病机制和分子标识研究，为建立适宜国情的结核潜伏感染干预技术路径做出了重要贡献。(证明材料见 4-1,4-2,4-4,4-5,4-19,4-20)。 姓名：陈心春 排名：3 职称：教授,教授 行政职务：医学部副主任 工作单位：深圳大学医学部 对本项目的贡献：作为研究现场负责人参与了深圳研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，整体负责项目的组织实施、协调管理和质量控制等方面的工作，具体参与了结核潜伏感染的筛查和研究队列的建立、队列的季度维护和年度
---------	---

	随访、以及生物样本采集、疑似患者定诊和临床信息收集等工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口和城市农民工人群结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，并开展了致病机制和分子标识研究，为建立适宜国情的结核潜伏感染预防干预技术路径提供了技术支撑。(证明材料见 1-1,4-3,4-4,4-6,4-10,4-12,4-15,4-16,4-20)。 姓名：孙海兰 排名：4 职称：研究员,研究员 行政职务：董事长兼总经理 工作单位：苏州创澜生物科技有限公司 对本项目的贡献：在本项目的实施过程中，作为创澜生物的负责人，协助项目合作团队开展结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究工作，并通过集成创新和自主创新，开发研制了相关的结核感染检测产品 IP-10.TBTM（国械注准 20203400334），该诊断产品在保证临床诊断性能的前提下，弥补了已有方法在免疫抑制人群中灵敏度不足的缺点。同时，配套开发的“人全血 mRNA 提取试剂”，通过改良亲和纯化方法及解决关键物料供应降成本等产业化的关键问题，为在我国开展大规模的结核感染筛查奠定了重要的技术支撑。(证明材料见 1-2，10-9)。 姓名：刘海鹰 排名：5 职称：研究员,研究员 行政职务：党委副书记 工作单位：中国医学科学院病原生物学研究所 对本项目的贡献：在本研究的实施过程中，主要参与实验室检测的督导和质量控制等工作；针对结核易感基因的研究发现 Gab2 的下调与结核分枝杆菌感染的保护功能免疫有关，揭示了 Gab2 在结核免疫中的潜在负调控作用；不但更新了对宿主免疫保护机制的认识，也为利用生物标志物更加准确的界定干预对象提供了可能。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。(证明材料见 4-1,4-10,4-12,4-20)。 姓名：杨枢敏 排名：6 职称：主任医师,主任医师 行政职务：所长 工作单位：甘肃省疾病预防控制中心 对本项目的贡献：作为研究现场负责人参与了甘肃研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，整体负责项目的组织实施、协调管理和质量控制等方面的工作。具体参与了结核潜伏感染的筛查和研究队列的建立、队列的季度维护和年度随访、以及生物样本采集、疑似患者定诊和临床信息收集等工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。(证明材料见
--	--

4-1,4-2,4-4)。 姓名：徐祖辉 排名：7 职称：主任医师,主任医师 行政职务：科长 工作单位：湖南省胸科医院防治部 对本项目的贡献：作为研究现场负责人参与了湖南研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，整体负责项目的组织实施、协调管理和质量控制等方面的工作，具体参与了结核潜伏感染的筛查和研究队列的建立、队列的季度维护和年度随访、以及生物样本采集、疑似患者定诊和临床信息收集等工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。(证明材料见 4-1,4-2,4-4)。 姓名：沈飞 排名：8 职称：主治医师,主治医师 行政职务：无 工作单位：郑州市第六人民医院 对本项目的贡献：主要参与了河南省中牟县研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，以及验证超短程干预方案的随机对照干预研究。整体负责研究工作的组织实施、协调管理和质量控制等方面的工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征、超短程干预方案评价等研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路和本土化超短程干预方案提供了技术支撑。(证明材料见 4-1,4-2,4-4,4-5)。 姓名：王志坚 排名：9 职称：副主任医师,副主任医师 行政职务：中心主任 工作单位：丹阳市疾病预防控制中心 对本项目的贡献：作为研究现场负责人，承担并主持了江苏研究现场“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”，负责现场实施方案和细则的制定、组织实施与协调管理、质量控制等工作，高质量完成了国家项目预试验、结核潜伏感染基线筛查、研究队列建立、队列季度维护和年度随访，指导做好生物样本采集、疑似患者定诊和临床信息收集等工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。(证明材料见 4-1,4-2,4-4)。 姓名：司红艳 排名：10 职称：主任技师,主任技师 行政职务：结核病实验室主任
--

	工作单位：甘肃省疾病预防控制中心 对本项目的贡献：在本项目的实施过程中，主要参与了项目涉及的实验室标准操作流程等技术的建立和标准化，并对参与项目的实验室技术人员进行技术标准化培训，并对其进行外部质量控制和评价。同时，参与了项目实施过程中的规范化督导工作，主要负责和统一管理甘肃研究现场任务涉及的实验室检测和临床检测等工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。(证明材料见 4-1,4-2,4-4)。 姓名：杨倩婷 排名：11 职称：副研究员,副研究员 行政职务：无 工作单位：深圳市第三人民医院肝病研究所 对本项目的贡献：作为研究现场协调员参与了深圳城市农民工结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，具体负责项目的组织实施、协调管理和质量控制等方面的工作，参与了结核潜伏感染的筛查和研究队列的建立、队列的季度维护和年度随访、以及生物样本采集、疑似患者定诊和临床信息收集等工作。作为主要完成人之一参与发表了我国城市农民工人群结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国重点人群结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。(证明材料见 1-1，4-15,4-20)。 姓名：潘守国 排名：12 职称：副主任医师,副主任医师 行政职务：主任 工作单位：中牟县卫生防疫站 对本项目的贡献：主要参与了河南省中牟县研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，以及验证超短程干预方案的随机对照干预研究。具体负责研究工作的组织实施、协调管理和实验室质量控制等方面的工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征、超短程干预方案评价等研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路和本土化超短程干预方案提供了技术支撑。(证明材料见 4-1,4-2,4-4,4-5)。 姓名：关玲 排名：13 职称：主管护师,主管护师 行政职务：无 工作单位：郑州市第六人民医院 对本项目的贡献：主要参与了河南省中牟县研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，以及验证超短程干预方案的随机对照干预研究。具体负责研究工作的组织实施、协调管理和实验室质量控制等方面的工作。作为主要完成人之一参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征、超短程干预方案评价等研究
--	---

	成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路和本土化超短程干预方案提供了技术支撑。(证明材料见 4-2,4-4,4-5)。 姓名：张彬 排名：14 职称：主治医师,主治医师 行政职务：科长 工作单位：中牟县卫生防疫站 对本项目的贡献：作为研究现场项目办主任，主要参与了河南省中牟县研究现场结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究，以及验证超短程干预方案的随机对照干预研究。具体负责研究工作的组织实施、协调管理和实验室质量控制等方面的工作（附件 10-10）。 姓名：辛赫男 排名：15 职称：副研究员,副研究员 行政职务：无 工作单位：中国医学科学院病原生物学研究所 对本项目的贡献：在本研究的实施过程中，作为项目协调员参与调查对象基本信息、既往病史等信息的收集以及临床样本的采集和处理等工作；配合项目负责人组织开展农村社区人群结核潜伏感染的流行病学调查、研究队列建立、预防性干预和队列的随访、数据管理和质量控制等工作。(证明材料见 4-1,4-2,4-4,4-5,4-15,4-19)。
主要完成单位情况	单位名称：中国医学科学院病原生物学研究所 排名：1 对本项目的贡献：作为项目的牵头单位，负责项目的总体设计、组织实施和质量控制。牵头组织了“十二五”国家传染病科技重大专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”和“结核分枝杆菌潜伏感染人群的干预研究”等项目，开展了目前全球最大规模（近 3 万人）的多中心结核潜伏感染队列研究以及国内首个评价超短程干预方案的随机对照干预研究。初步阐明了我国结核潜伏感染负担、界定了社区干预目标人群、获得了超短程干预方案，形成了完整的研究技术体系和干预路径，为推动我国结核病综合防治策略的完善做出了重要贡献。同时，通过长期观察感染和发病的自然进程，在阐明感染发病分子机制的基础上开展分子标识研究，探索新型诊断技术的研发，更加准确的界定干预对象并给予个体化的干预方案，以期有效的控制干预成本、提高干预的可行性和可及性，为“精准干预”提供了技术支撑。 单位名称：深圳大学 排名：2 对本项目的贡献：本单位在项目实施过程中主要负责为结核分子机制相关研究提供实验室平台、人员和技术支撑。利用全基因组测序技术、蛋白印迹技术、基因分型技术、液相芯片技术等前沿实验室技术，从分子层面阐明围绕人体结核病发病后的体内炎症机制反应，多维度论述不同生物标志物在炎症反应中对结核分枝杆菌感染结果的贡献，为结核病的预防、诊断和治疗提供了研究基础和科学依据。 单位名称：苏州创澜生物科技有限公司

	排名：3 对本项目的贡献：本单位负责自主创新的结核感染检测产品 IP-10.TB 的研发、评估、临床注册及推广应用。在研发过程中，本单位解决了多项技术难点，该诊断产品在保证临床诊断性能的前提下，弥补了已有方法在免疫抑制人群中灵敏度不足的缺点。通过引入一次性真空采血管生产工艺及生物制品的无热源技术解决多条多肽组合时产生的信号通路负反馈现象，配套开发的“人全血 mRNA 提取试剂“，通过改良亲和纯化方法及解决关键物料供应降成本等产业化的关键问题，为在我国开展大规模的结核感染筛查奠定了重要的技术支撑。 单位名称：甘肃省疾病预防控制中心 排名：4 对本项目的贡献：本单位作为任务承担单位完成了“十二五”国家传染病科技重大专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”的任务实施，负责甘肃陇西现场结核感染调查和队列随访的组织实施以及质量控制工作。主要负责 5700 例应检对象的确定和核实，流行病学调查现场（3 个自然村）的协调管理和任务实施，研究涉及的各项实验室检测和临床检测，研究队列的维护和随访等工作，作为主要完成单位参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。 单位名称：湖南省胸科医院 排名：5 对本项目的贡献：本单位作为任务承担单位完成了“十二五”国家传染病科技重大专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”的任务实施，负责湖南湘潭现场结核感染调查和队列随访的组织实施以及质量控制工作。主要负责 5800 例应检对象的确定和核实，流行病学调查现场（6 个自然村）的协调管理和任务实施，研究涉及的各项实验室检测和临床检测，研究队列的维护和随访等工作，作为主要完成单位参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、提出适宜国情的干预新思路提供了数据支撑。另外，在项目启动前培训的组织和技 术支撑工作中发挥了重要作用，为本项目的顺利开展提供了重要的技术支撑。 单位名称：郑州市第六人民医院 排名：6 对本项目的贡献：本单位作为任务承担单位完成了“十二五”国家传染病科技重大专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”项目和“结核分枝杆菌潜伏感染人群的干预研究”项目的任务实施，负责郑州中牟现场结核感染调查、干预队列的建立和队列随访的组织实施以及质量控制工作。主要负责 5700 例 5 周岁以上人群及 2.1 万例 50-70 岁农村中老年人群的结核感染调查的组织协调，任务实施和质量控制，作为主要完成单位参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征、超短程干预方案评价等研究成果。在项目的实施过程中多次组织临床专家团队，对干预过程中出现的不良反应给予及时指导和处理，并在活动性肺结核定诊工作中发挥重要作用。 单位名称：丹阳市疾病预防控制中心
--	---

	排名：7 对本项目的贡献：作为任务承担实施单位，遵循课题顶层设计，着力抓好“十二五”国家传染病科技重大专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”的江苏现场实施方案和细则的制定，精心组织实施，高质量完成了项目预试验、结核潜伏感染的基线筛查、研究队列的建立、队列的季度维护和年度随访，并为项目的顺利开展提供了技术支持，如积极落实移动拍摄装备提高筛查和随访体检效率，保障现场研究按序时进度推进。作为主要完成单位之一，通过规模化项目研究，掌握了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征，在我国农村人口结核潜伏感染率与既往未排除卡介苗接种等因素影响报告的感染率、有肺结核陈旧病灶的潜伏感染者发病的风险与无陈旧病灶人群潜伏感染者发病的风险等方面有重要发现。这些研究成果，为阐明我国结核潜伏感染负担、界定社区干预目标人群以及开展结核潜伏感染人群干预的可行性提供了科学依据，并为制定以“关口前移”为核心的新型结核病预防干预策略的提供了技术支撑，具有显著的社会效益。 单位名称：深圳市第三人民医院 排名：8 对本项目的贡献：本单位作为任务承担单位完成了“十二五”国家传染病科技重大专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”的任务实施，负责深圳农民工现场结核感染调查和队列随访的组织实施以及质量控制工作。主要负责 5000 例应检对象的确定和核实，流行病学调查现场的协调管理和任务实施，研究涉及的各项实验室检测和临床检测，研究队列的维护和随访等工作，作为主要完成单位参与发表了我国农村人口结核潜伏感染流行和发病特征的研究成果。同时，充分发挥医院的临床优势，结合动物实验，分子生物学试验，开展了多项分子标识研究，探索新型诊断技术的研发，更加准确的界定干预对象并给予个体化的干预方案，为“精准干预”提供了技术支撑。 单位名称：中牟县卫生防疫站 排名：9 对本项目的贡献：本单位作为任务实施承担单位完成了“十二五”国家科技专项“结核分枝杆菌感染的流行病学调查和队列研究”项目和“结核分枝杆菌潜伏感染人群的干预研究”项目任务的具体实施，负责郑州中牟现场结核感染调查和队列随访的组织实施及潜伏感染干预队列的建立及随访的组织实施。主要负责 5700 例 5 周岁以上人群及 2.1 万例 50-70 岁农村人群的结核感染调查，200 个自然村的协调组织，研究涉及的各项实验室检测和临床检测如近 3 万例研究对象的结核感染检测和血生化，血常规及尿常规检测，3900 例干预对象的协调组织管理，及对研究队列开展了为期 5 年的维护和随访，并在项目实施过程中承担了多次全县乡村医生的培训，为项目的顺利实施和质量保障奠定了重要基础。
--	---