福建省疾病预防控制中心

关于2021年度福建省科学技术奖提名情况的公示

 根据《福建省科学技术奖励委员会办公室关于2021 年度福建省科学技术奖提名工作的通知》（闽科奖办〔2021〕9 号）的文件要求，现将省中心拟推荐申报2021年度福建省科学技术奖项目予以公示。公示期为2022年1月28日-2022年2月8日，公示期内如有异议，请以书面形式向中心科研教育与信息管理处反映。

联 系 人：何梓凯

联系电话：0591-87506445

附件：拟推荐申报2021年度省科学技术奖项目名单

福建疾病预防控制中心

 2022年1月28日

附件：

拟推荐申报2021年度省科学技术奖项目名单

**科技成果一**

**1、成果名称：**福建省人口死亡监测体系的关键技术创新与应用

**2、提名单位：**福建省卫生健康委员会

**3、主要完成单位：**福建省疾病预防控制中心

**4、主要完成人及其排序**

钟文玲 叶 莺 黄少芬 李晓庆 林修全 林 熙 陈铁晖 朱 瑶

尹艳榕 陈婧瑜 胡祥炬

**5、项目简介**

**⑴ 主要研究内容**

本研究通过监测技术创新和全数据审核机制的建立，应用倾向性评分加权法等关键技术建立死亡漏报评估体系，构建全覆盖高质量的死亡监测体系，系统分析人口死亡模式的变迁，产出死亡率、人均预期寿命、过早死亡概率等指标；应用Arriaga因素分解法、死亡率差异分解法等开展人均预期寿命、死亡情况的定量研究，确定其变化的人口及非人口因素，确定干预重点人群和重点因素；应用潜在寿命损失及全球疾病负担(GBD)等方法开展疾病负担研究，产出19个年龄组、分性别的117种疾病和伤害的死亡、伤残、早死概率等多维度指标。

**⑵ 技术创新**

本研究从福建省实际出发，因地因时制宜，首次应用倾向性评分加权法建立死亡漏报评估体系，创新性建立全数据审核制度，确保死因监测资料的完整性和准确性，率先建立福建省首个全覆盖高质量死亡监测体系，为全国死因监测体系的建设提供参考；在全面掌握福建省人群死亡谱，产出人均预期寿命及重大慢性病过早死亡率等指标的基础上，首次应用差异分解法开展人均预期寿命、死亡情况的定量研究，通过非人口因素的分解，确定重点人群及重点因素，为我省卫生政策调整提供数据支撑，也是福建省健康白皮书的重要数据支持；首次应用GBD方法，总结和比较不同疾病、伤害对福建人群所致的健康损失，全面展示我省健康问题的变迁，确定优先干预疾病，为福建省疾病防控重心及防控策略调整提供科学依据。

**⑶ 应用推广及效益情况**

本研究通过死因监测关键技术的创新，实现对人口死亡统计的技术集成与储备，获得我省居民死亡水平、死亡原因及变化趋势和规律，为全国死亡监测系统的建设提供示范，为基层开展死亡漏报及死亡数据挖掘提供有用的方法，为国家及我省提供准确的评估指标，推动“健康福建”的整体进展，为确定我省健康优先领域提供翔实资料，促进医防融合机制的建立。项目研究成果在全省各设区市得到推广应用，实现死因监测全覆盖，提高数据的准确性与完整性，为衡量地区经济社会发展和医疗卫生服务水平提供科学依据。每年度为各级政府、医疗及科研机构提供死亡相关数据，为卫生政策制定提供科学依据。集合死亡监测相关技术进行科研应用，开展脑血管病流行病学调查、疾病负担研究等，为遏制相关疾病高发提供准确的流行病学数据；通过流行病学设计和统计方法科学应用，为全省多地反映的癌症村不明原因等各类健康相关问题进行科学解答，回应社会关切。部分成果以新闻发布会形式发布，在国家级刊物及多种国内学术交流会上得到同行重视，为国内外同类研究提供技术方法及经验借鉴。

本研究先发表14篇论文，被他引143篇次。其中2篇被PubMed收录，13篇被SINOMED、CMCI、维普收录，14篇被同方收录，13篇被万方收录，2篇被CSCD收录。

**6、5篇代表性著作及作者**

⑴ 应用倾向性评分加权法估计2012-2014年福建省疾病监测系统死亡病例漏报率

（第一作者：黄少芬 通讯作者：钟文玲）

⑵ 福建省1990-2010年居民出生期望寿命差异分析

（第一作者/通讯作者：叶莺）

⑶ 福建省城乡居民消化系统恶性肿瘤死亡趋势分析

（第一作者/通讯作者：钟文玲）

⑷福建省2007-2011年恶性肿瘤死亡流行病学特征及变化趋势分析

（第一作者/通讯作者：陈铁晖）

⑸ 1990和2013年福建省恶性肿瘤疾病负担分析

（第一作者/通讯作者：黄少芬）

**科技成果二**

**1、成果名称：**人感染新型流感和禽流感病毒的发现及其分子生物学研究

**2、提名单位：**福建省卫生健康委员会

**3、主要完成单位：**福建省疾病预防控制中心

**4、主要完成人及其排序**

谢剑锋 郑奎城 翁育伟 张炎华 陈 平 修文琼 黄婕莉 林 琦

李颖婷 陈宏彬

**5、项目简介：**

**⑴ 主要研究内容**

本项目依托省人兽共患病重点实验室和BSL-3实验室，建立了“两平台”（分子生物快速检测平台和高通量测序平台）和“一体系”（病毒基因特征分析体系），形成了一个机制（以分子分型和溯源为特色的新发突发传染病监测预警研判机制），及时发现人感染新型流感和禽流感病毒，并阐明其遗传性、抗原性、耐药性、致病力、传播力等分子生物学特征，为疫情溯源、研判疫情进展、指导临床救治、制定防控策略等提供科学依据，成功防控了人感染新型流感和禽流感疫情。

**⑵ 技术创新**

1、在全球首次发现成人感染欧亚禽源H1N1猪流感病毒，其为三源重组病毒，能导致人严重的临床感染，并具备的人传人能力和潜在大流行风险。

2、首次在福建省发现人感染甲型H1N1流感、高致病性H5N1和H5N6禽流感以及H7N9禽流感病毒，为疫情防控做好充分准备。

3、通过长期监测，发现甲型H1N1流感病毒变异株、耐药株和重症肺炎株，为临床救治病例和评估潜在流行风险提供依据。

4、阐明了亚洲各国H5N1禽流感病毒具有明显地域分布，经病毒溯源，福建省病毒与国内病毒株属同一进化分枝，与安徽和广西省病毒有更紧密的亲缘关系。

5、早期确诊和及时救治高致病性H5N6禽流感患者，基因分析发现其病毒来自野禽和家禽中流行的病毒，至少经过两次重配而产生。

6、建立了一种快速便捷的H7N9禽流感病毒全基因扩增和测序方法，节省成本、减轻人力；阐明了福建省人感染H7N9禽流感病毒分子生物学特征，其源自长三角和珠三角病毒基因重组，流行至第5波时已形成稳定的福建株；发现耐药株和高致病株；揭示了其基因关键位点突变而获得“双受体”结合能力，具备突破种属屏障，更容易感染人的重要分子机制；发现了人传人疫情，导致大流行的潜能不容忽视。

**⑶ 应用推广及效益**

 本研究成果为成功防控人感染新型流感和禽流感提供了理论基础和关键技术支撑，被广泛运用于省内外疾控机构和医疗机构，具有重大社会和经济效益；将病原学、流行病学和临床医学有机结合，推进医防融合的综合性医改向纵深发展。项目14篇文章被引用114篇次（4篇在SCI中被引用34篇次），培养了4名硕士研究生。

**6、5篇代表性著作及作者**

⑴ A study of the relationship between human infection with avian influenza a (H5N6) and environmental avian influenza viruses in Fujian, China （第一作者：陈平 通讯作者：郑奎城）

⑵ Emergence of Eurasian Avian-Like Swine Influenza A (H1N1) Virus from an Adult Case in Fujian Province, China

（第一作者：谢剑锋 通讯作者：郑奎城）

⑶ Emergence of Waterfowl Originated Gene Cassettes in HPAI H7N9 Viruses Caused Severe Human Infection in Fujian，China

（第一作者：谢剑锋 通讯作者：翁育伟/王大燕）

⑷ Epidemiological, clinical, and virologic features of two family clusters of avian influenza A (H7N9) virus infections in Southeast China （第一作者：谢剑锋 通讯作者：郑奎城）

⑸ 福建省首例人感染H7N9禽流感病例实验室诊断和病毒序列分析

（第一作者：翁育伟 通讯作者：严延生）

**科技成果三**

**1、成果名称：**艾滋病耐药监测预警体系关键技术研究及应用

**2、提名单位：**福建省卫生健康委员会

**3、主要完成单位：**福建省疾病预防控制中心、福建医科大学孟超肝胆医院（福州市传染病医院）

**4、主要完成人及其排序**

吴守丽 叶寒辉 严延生 王征桦 邱月锋 谢美榕 张春阳 陈雅红

颜苹苹 陈 亮 韩 霄 夏品苍 卢晓丽 张明雅 连巧龄

**5、项目简介：**

**⑴ 主要技术内容**

本项目结合分子生物学技术与流行病学方法，从建设技术平台→构建预警体系→开展应用研究→支持防控策略等方面开展了长期系统研究，实现了对不同人群分别采取分级分类的耐药检测策略，提高了早期耐药预警能力，有效抑制了我省耐药传播流行，为制定艾滋病防控策略提供科学依据。本项目在开展基础应用研究同时又服务于疾病防控和临床诊疗，是预防医学、临床医学和基础医学多学科领域交叉成果。

**⑵ 主要创新点**

一是率先建立基于高通量测序技术的HIV-1劣势耐药突变检测方法，使劣势突变检测阈值达到1%，有助于尽早发现耐药，并可探索药物选择压力下耐药突变动力学规律。

二是率先建立基于In-Fusion技术的高通量新型HIV-1表型耐药检测系统，实现方法及药物检测的高通量，且操作安全无须依赖P3实验室，有利于推广使用。为治疗失败患者尤其是对基因型结果难以解释的复杂病例以及新的耐药突变位点鉴定和新药研发等提供新的技术平台。该技术已授权国家发明专利，有望商品化。

三是率先建立艾滋病耐药监测预警体系，对不同人群分别采取分级分类检测策略，规范耐药检测流程和质量控制，增加早期监测预警能力，有效抑制耐药传播流行。

四是建立了新发感染检测技术平台，首次在福建省内应用BED-CEIA法对重点人群开展HIV-1新发感染监测和耐药预警研究，从而更准确地研判疫情真实变化趋势和干预措施的效果。

五是首次系统开展福建省艾滋病流行规律变迁以及HIV/HBV/HCV合并感染以及抗病毒治疗效果评估和影响因素的研究，并研发出抗菌药物凝胶I号以用于机会性感染治疗探索。

⑶ **应用推广情况**

本项目通过平台建设和体系构建，为全省HIV新发感染和耐药监测提供技术支撑，已在省内各地市疾控中心、定点治疗机构和省微生物研究所得以推广应用，并多次在全国学术交流会和全省培训班上介绍推广。利用该技术平台完成5000多人次新发感染检测，5600多例基因型耐药检测，80例劣势耐药突变检测，100多例复杂样本表型耐药检测，2个可疑耐药突变和2种新药的筛选和鉴定，为耐药患者及时制定和更换有效治疗方案。已公开发表学术论文20篇，其中SCI 5篇，论文被他引114次，已授权国家发明专利1项，培养2名研究生。

**6、5篇代表性著作及作者**

⑴ A single-loop recombinant pseudotyped-virus-based assay to detect HIV-1 phenotypic resistance

（第一作者：吴守丽 通讯作者：严延生）

⑵ 基于In-fusion技术的高通量HIV表型耐药检测系统的建立及应用研究 （第一作者：吴守丽 通讯作者：严延生）

⑶ Effectiveness of first-line antiretroviral therapy in HIV/AIDS patients: A 5-year longitudinal evaluation in Fujian Province, Southeast China （第一作者：吴守丽 通讯作者：严延生）

⑷ Shift in HIV/AIDS epidemics in southeastern China: a longitudinal study from 1987 to 2015

（第一作者：吴守丽 通讯作者：严延生）

⑸ Epidemiological Profile and Risk Factors of HIV and HBV/HCV Co-Infection in Fujian Province, South eastern China

（第一作者：吴守丽 通讯作者：严延生）