

附件 1

新发突发与重大传染病防控国家科技重大专项 2025 年度定向委托项目申报指南

根据新发突发与重大传染病防控国家科技重大专项（以下简称传染病重大专项）实施方案的部署，按照国家科技计划管理相关规定，现发布 2025 年度定向委托项目申报指南。

传染病重大专项聚焦我国重大传染性疾病预防战略需求，围绕新发突发传染病和重大传染病防控两大方向，重点部署未知传染病风险预测、新发突发传染病监测预警、预防诊断与治疗产品、应用基础研究与共性关键技术储备、研判决策示范应用、结核病等任务。2025 年，以定向委托方式启动 10 个重点研究方向。

所有以人体为研究对象、涉及人类遗传资源的科学研究，须严格遵守《中华人民共和国生物安全法》《病原微生物实验室生物安全管理条例》《中华人民共和国人类遗传资源管理条例》《医疗卫生机构开展研究者发起的临床研究管理办法》《涉及人的生命科学和医学研究伦理审查办法》等相关管理规范；严把科研诚信关，严格按照《科学技术活动违规行为处理暂行规定》《科研失信行为调查处理规则》等工作。

传染病重大专项定向项目采用前补助的方式对项目进行支持，坚持发挥中央财政资金的战略引导和资金牵引作用，除特殊

说明外，原则上基础研究类项目配套经费与中央财政资金不低于 1:1 匹配，技术开发类项目不低于 3:1 匹配。

一、未知传染病风险预测

1. 面向主动防控的我国“X 传染病”全景病原图谱及保藏库构建（基础研究）

研究内容：针对我国高风险野生动物、吸血节肢动物、高风险疫源经济动物、宠物及异宠、海洋哺乳动物，冰川与高原极端环境等来源样本，开展系统调查与采样；基于传统病原学和高通量深度测序技术等，开展系统、标准的未知微生物筛查；基于多组学技术，深入开展新病原发现、溯源、监测及宿主与媒介适应性分析；结合生态地理等信息，构建基于全基因组的新微生物图谱；针对具有潜在危害的未知微生物，开展其感染性和潜在致病性的人群验证，发现潜在新病原体；开展多维来源具有潜在危害的新病原体向人群传播的可能方式和风险评估，提出我国未来可能发生的“X 病原体”目录，研究主动应对技术和策略；建设库存量达千万级以上的国家未知病原微生物样本保藏中心；建立病原微生物识别、监测、致病风险评估等全谱数据库，并开展样本资源及其成果在科研以及防控领域的示范应用。

考核指标：采集至少 200 种高风险疫源野生动物（如蝙蝠、鼠类、鼯鼯、非人灵长类、野猪、穿山甲、旱獭、刺猬与藏羚羊等哺乳动物，雁鸭类、鸥类与鸕鹚类等迁徙野鸟）的组织、拭子

与粪便等各类样本 80 万份以上，高通量测序 5 万组以上；采集覆盖我国 7 个动物地理区划半数以上（>62 个）动物地理单元的重要吸血节肢动物媒介样本，每个单元采集标本的种类不少于当地已知吸血媒介优势物种数的 1/3，总体物种>200 种，样本量>300 万份，病原筛查 4 万组以上；采集至少 100 种本土和 50 种输入性的且可能携带高风险病毒（流感病毒与冠状病毒等）的经济动物的组织和拭子以及体表寄生媒介等各类样本 6 万份以上，完成高通量测序 3 万组以上；采集至少 50 种宠物及异宠（如鹦鹉、蜥蜴、仓鼠、蛇与乌龟等）粪便与血液等样本 2 万份以上，完成高通量测序 1 万组以上；采集我国冰川环境样本 1000 份以上，覆盖我国大陆型、海洋型、山谷型、冰帽和冰原等各类冰川类型，完成 1000 个文库深度测序；采集搁浅或发病海洋哺乳动物（如中华白海豚等）>30 只，组织与拭子等样本 500 份以上，完成宏基因组测序 500 组以上；定点、连续采集青藏高原特有动物样本 20 种 1.5 万份以上，完成 1 万个文库的 RNA 和 DNA 深度测序。基于上述样本，从全基因组水平发现新微生物 1500 种以上，分离培养并命名新细菌（含放线菌）和真菌等 100 种以上、新病毒 10~15 种；绘制我国野生动物、吸血节肢动物、高风险疫源经济动物、宠物及异宠、海洋哺乳动物，冰川与高原极端环境等来源的新微生物病原组学图谱 1 套，明确其危害风险等级，提出潜在“X 病原体”目录。形成 1 套适合专项多源样本资源长期、稳定、高质量保藏的标准技术方法和保藏方案；基于标准统一的测序方案，实现高

通量测序的规模化和数字化集成展示；开发 1 套软件系统，建立智能化、国际一流、实物样本与信息高度融合的可视化数据平台（库），实现数据对接与共享；建立 1 套覆盖具有潜在危害的新微生物资源、基因组与基因功能的数据标准，建立 1000 种以上新细菌、病毒、真菌与原虫等的生物学特征与基因特征数据集及其全景图谱，并在国家传染病监测网络及其节点应用示范。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国疾病预防控制中心牵头的创新联盟，国家实验室、全国重点实验室、疾控机构、生物信息研究机构、农业、林业、海关、市场系统的优势单位联合申报。

2. 基于多源异构数据融合的新发传染病威胁精准评估关键技术研究（基础研究）

研究内容：整合病原基因序列、生态环境、气候变化与人类活动等多源异构数据，研发多源异构数据实时融合与质量控制技术，建立新发传染病多模态数据库。结合时间序列深度学习与强化学习算法，深度挖掘病原变异、疫苗接种、人口流动等新发传染病流行风险因子，构建高时空分辨率动态风险地图及早期预测信号的临界点识别模型。探究病原体、环境因子与新发疫情的关联机制，建立新发传染病大流行风险评估指标体系与阈值量化方法。基于人工智能技术，开发致病性与传播性健康威胁评估技术，

筛选病原基因与宿主特征中的高致病性、高传染性因素，预测新病原体的致病力、传播风险及潜在“溢出热点”，形成覆盖数据融合、风险建模、威胁评估的全链条技术体系。

考核指标：建成涵盖病原基因序列、生态环境、气候变化与人类活动等信息的新发传染病多模态数据库及高时空分辨率动态风险地图各 1 套；基于多源异构数据的新发传染病威胁评估技术与风险预测工具 5~8 个，预测准确率>80%；建立包含 20 个以上敏感指标的新发传染病风险评估指标体系及阈值量化方法 1 套；构建早期预测信号临界点识别模型 1 套；研发生成多源异构数据融合的新发传染病威胁精准评估技术体系 1 套，完成实际场景验证与应用。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国人民解放军疾病预防控制中心牵头组织优势单位申报。

3. “一带一路”国家未知病原体发现与跨境传播风险评估技术研究（基础研究）

研究内容：基于“一带一路”国家适宜需求，开发覆盖样本采集（疫源动物、媒介生物、感染病例）、分级检测（一线快速筛查、二线精准确认、三线溯源分析）、数据共享（标准化传输、多语言兼容）及资源调配（试剂转运、设备标准化）的全流程标

标准化操作框架；结合多源数据（病原基因组、生态分布、人口流动）构建跨境传播风险评估模型，开发覆盖输入性风险预测、传播路径模拟及阈值预警的动态风险预测方法。研究国内成熟技术在合作国家的适用性改造与本地化推广策略，推动国内成果向合作国家转移转化。通过合作实验室试点验证技术流程，优化方案的普适性与可操作性。最终形成 1 套科学、灵活、可对外推广的未知病原体发现与跨境传播风险评估技术体系。

考核指标：制定 1 套涵盖样本采集、分级检测、数据分析、信息共享、资源调配的标准化技术方案；开发 2~3 种跨境传播风险评估方法；与 ≥ 5 个“一带一路”国家研究机构签署合作协议，推动技术方案在 ≥ 3 个国家完成试点验证；在合作国家实现 ≥ 10000 份生物样本的采集和分析；建立技术方案长效更新机制，确保技术体系持续适应当地未知传染病风险预测需求。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国医学科学院病原生物学研究所牵头组织优势单位申报。

二、新发突发传染病监测预警

4. 新发突发传染病监测预警新技术研究、模型构建及应用示范（技术开发）

研究内容：（1）数智化病原监测数据获取整合与共享交换的

模型构建与示范应用：利用前沿的基因组语言模型，开发病原基因数据的基础大模型；以来源于国家传染病监测网络数据为核心，实现多源异构数据的无缝融合、标准化、安全传输与共享，并示范应用；（2）呼吸道新发突发传染病多场景多点触发风险评估及预警 AI 智能体研究：构建异常病例及健康事件早期识别与动态追踪模块，开发疫情暴发风险的快速识别与智能预警动态分级规则和方法，开展动态风险评估，生成系统、专业的可视化报告；AI 智能体封装并开发 API 接口，在重点地区开展应用示范及多场景验证；（3）呼吸道新发突发传染病疫情智能化多点触发预警关键技术研究：整合多源数据，基于大语言模型研发标准化数据治理技术、多源异构数据时空关联分析与动态建模技术，实现多源数据融合与智能治理；针对各种可能出现的呼吸道新发突发传染病疫情，利用人工智能技术开发针对重点场所的传染病疫情苗头早期识别、风险动态分级、预警阈值优选、流行强度和趋势预测技术，实现呼吸道新发突发传染病预警技术的突破；基于医疗机构场景的疫情仿真模拟及趋势预测预警，实现对临床、病原学、影像学等信息的高度整合分析；（4）全球新发突发传染病监测与预测模型研究：研究面向传染病防控的全球尺度生境本底信息遥感快速判别和提取技术；绘制基于医学、农业、网络 and 遥感监测数据的全球重要病原体、宿主和生态环境大地图。

考核指标：（1）基于大规模病原体基因组数据，建立 1 个传染病病原体基因组序列的基础大模型，纳入病原基因组序列数量

不少于 1000 万条，标准化的数据量达到 1 TB 以上。病原体基因组模型能够有效学习病原的基因组组成和突变内在规律，参数量至少 1 B, 达到揭示具有生物安全风险的主要病原序列可能来源和变异风险能力，准确率和召回率达 95% 以上；（2）建立 1 套针对病原多源数据的数据自动化标引流程，针对传染病病原学、免疫学、流行病学、遗传与进化等 8 种以上自动化特征提出模型，实现准确率达 95% 以上；（3）研发急性呼吸道传染病动态预警 AI 应用智能体，具备关联多源数据融合、数据标注与语料加工、智能风险识别与评估、生成式数据分析报告撰写四大核心功能。智能体封装为可供预警应用平台调用的 API 接口，与人工相比结果准确性 $\geq 85\%$ ；（4）多源异构数据治理标准化技术方案不少于 5 套，揭示 8 种以上疫情相关数据之间的内在关联规律；基于多源数据的风险评估技术及指标体系 1 套；聚集性不明原因肺炎等异常信号早期识别和主动感知技术与软件 1 套；传染病预警阈值智能筛选技术 3~5 种；疫情仿真模拟及趋势预测技术与软件 1 套；区域传染综合风险指数和预警模型 1 项；（5）研发完成 1 套全球传染病多源信息的自动智能采集系统，达到多源异构时空大数据“接入-处理-重构-过滤-可视化处理”的响应时间 < 2 秒；绘制一幅病原体、宿主和生境分布大地图，数字指标：覆盖 50 种高风险病原体，时间 > 20 年，国家或区域 > 20 个，宿主 > 30 个，环境因子 > 15 个；（6）实现覆盖社区、医疗机构等多级医疗服务系统的信息联动，从单一部门到多部门整合关键信息，实现整合率达到 90% 以

上；（7）完成不少于 5 个业务场景化应用验证，如包括早期不明原因肺炎异常病例智能识别、早期异常聚集性疫情暴发、重点场所疫情风险评估、人群流动区域传播风险评估、境外输入风险评估、新病原或病原重要变异风险评估、重大传染病风险因素变化评估等业务场景，对医疗机构内呼吸道传染病流行强度和聚集性预警的灵敏度和特异度均超过 70%，误报率不超过 30%；（8）建立与国家传染病监测网络实现 5 种以上不同类型数据调用的接口应用示范，在不少于 10 个国家级和省市级疾控机构示范应用。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国疾病预防控制中心牵头的创新联盟，国家实验室、全国重点实验室、疾控机构、医疗机构、中国科学院、高等学校、农业、林业、海关、市场系统的优势单位联合申报。

三、预防诊断与治疗产品

5. 寨卡、登革等高风险虫媒病原体疫苗研发（技术开发）

研究内容：聚焦导致人类重大传染病的高风险虫媒病毒，如寨卡病毒、登革病毒等疫苗的安全性与有效性问题，深入解析此类病毒感染过程中产生抗体依赖性增强作用（ADE）的分子机制；综合运用结构生物学、反向疫苗学等研究手段，系统挖掘安全、有效的保护性抗原以及 T 细胞表位和 B 细胞表位；结合人工智能

等先进技术与方法，进行免疫原的理性设计与改造，通过体外实验和动物感染模型评价疫苗产生 ADE 的风险及有效性；采用多种技术路线研发虫媒病毒疫苗，开展疫苗质量控制、评价关键技术研究，推动开发出安全、有效、持久的疫苗产品，为应对潜在大流行和烈性传染病做疫苗储备。

考核指标：找出至少 5 个代表性病毒安全广谱的抗原新表位；建立 2~3 种工程化免疫原改造策略并完成 ADE 风险和有效性动物验证；建立至少 2 种疫苗研发平台，阐明 ADE 产生机制及候选创新疫苗对应的安全性机制，在至少 2 种黄病毒属候选疫苗上实现 ADE 风险去除；完成 2~3 种疫苗的企业转产并完成临床前研究，完成 1~2 种疫苗质量控制平台建设，1~2 种疫苗获得临床试验批件。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国科学院微生物研究所牵头的创新联盟，全国重点实验室、企业等优势单位联合申报。

四、应用基础研究与共性关键技术储备

6. 覆盖国际关注病毒的复制和非复制病毒库等技术研发(基础研究)

研究内容：针对全球优先关注的目前无法分离培养的病毒科属，以及暂未传入我国的国际优先关注的病毒，建立优先或代表性病毒种型相关假病毒、复制子、复制缺陷型病毒颗粒和感染性

克隆及新型细胞模型；建立可用于疫苗和药效筛选、评价的抗体检测技术和/或标准化细胞培养体系。

考核指标：针对全球优先关注、对我国威胁大，以及临床意义重大的难分离、难培养和不易获得的病原体，建立至少 12 个科属病毒的假病毒、复制缺陷型病毒、复制子和感染性克隆等病毒研究工具库；建立至少 6 个科属人类病毒的假病毒和复制缺陷型病毒中和抗体检测方法和/或标准化病毒细胞培养体系，满足疫苗和药物的筛选和评价需求。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国医学科学院医学生物学研究所牵头组织优势单位申报。

7. 模拟重大传染病和新发传染病临床复杂特征的病原敏感动物模型创制技术（基础研究）

研究内容：（1）研制用于影响艾滋病持续性感染疾病转归的暴露前预防、暴露后干预、治疗后潜伏感染等动物模型的关键技术；（2）研制用于结核变异株诊断与治疗靶点研究的关键基因敲除或人源化的动物模型；（3）建立基于免疫系统人源化与靶器官部分人源化的乙肝动物模型；（4）培育和创建国际优先关注病原的特色敏感动物，确定每种动物的敏感病原谱系，获得覆盖重要病原的多物种敏感动物；（5）建立病原体感染特色敏感动物模型的全病程多器官病理参比标本库；（6）建立模拟临床混合感染或

重大慢性病复合感染新发突发病原体的共病动物模型，以及治疗策略的评价技术；（7）建立重要新发呼吸道病原体传播及传播阻断策略的动物模型评价技术。

考核指标：（1）建立4种以上反映临床疾病转归的艾滋病非人灵长类动物模型及人源化动物模型；（2）建立5种以上针对结核国际流行变异株的靶点敲除或人源化动物模型；（3）建立2种以上双系统人源化乙肝动物模型，并模拟终末期肝病关键特征；（4）建立完善人类重要高致病病原的敏感动物5种以上，动物的敏感病原谱系覆盖15种以上重要病原体；（5）建立病原体感染特色敏感动物模型的全病程多器官病理参比标本库1个；（6）建立5种以上可模拟人类基础性慢性疾病合并病原体急性感染的共病动物模型；（7）建立4种以上病原体感染和传播特征分析的动物模型5种。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国医学科学院医学实验动物研究所牵头的创新联盟，国家实验室、科研院所、疾控机构、中国食品药品检定研究院、高等学校系统的优势单位联合申报。

五、研判决策示范应用

8. 新发突发传染病智慧研判决策及全景评价的关键理论与技术研究（基础研究）

研究内容：针对全球应对新发突发传染病存在的信息散在、

感知滞后等问题，汇聚疾病、病原、环境、宿主、政策、社交媒体、在线购药行为、文献等跨界多源数据，构建全球新发突发传染病疾病负担数据库及研判决策全景知识图谱；研发新发突发传染病疫情风险早期研判和发生发展态势研判的理论方法与智能化技术；针对真实世界新发突发传染病防控决策的复杂性，研究新一代人工智能驱动的重大疫情防控复杂系统决策创新理论，研发复杂系统下基于多智能体社会模拟器的群体智能防控决策技术；开发基于行为科学与实施科学的新发突发传染病精准干预决策理论与技术，针对疫情防控决策产生的实时效果和社会经济综合效应，构建全景评价指标体系并研发数智化评价技术；构建新发突发传染病智能化早期研判、应急决策及全景评价的技术集成工具包，并进行点状示范应用。

考核指标：建立 1 个多源数据融合的全球新发突发传染病疾病负担数据库，包括 5 种以上新发突发传染病的研判决策全景知识图谱；建立 1 套疫情风险早期研判及发生发展态势研判的智能化技术工具包；研发 1 套复杂系统群体智能防控决策技术包；建立 1 套基于行为科学与实施科学的新发突发传染病精准干预决策技术工具包，研发 1 套立足于宏观、群体、动态视角的疫情防控社会综合评价指标体系和数智化评价技术服务包；构建 1 套新发突发传染病智能化早期研判、应急决策及全景评价的技术集成工具包，并在不少于 5 个省份点状示范应用；申请 5 项以上核心技术发明专利或标准，获得 10 项以上软件著作权。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托北京大学牵头的创新联盟，高等学校、疾控机构、全国重点实验室、企业的优势单位联合申报。

六、结核病

9. 新型结核病疫苗评价关键技术研究（基础研究）

研究内容：围绕用于结核病预防与治疗的减毒活疫苗（包括重组卡介苗和减毒结核菌等）、重组蛋白疫苗、结核菌提取物、病毒载体疫苗和 mRNA 疫苗等新型结核病疫苗，深入开展新型疫苗生产用菌毒种等关键原材料的评价新技术和新方法研究；建立疫苗免疫原性与疫苗有效性体内外检测方法与检测模型，评价疫苗的安全性及有效性；开发疫苗关键质量属性的评价技术和操作规范，加强技术储备；同步建立新型疫苗的评价技术标准，形成从疫苗研发、临床前与临床评价全链条的监管技术评价体系。

考核指标：建立至少 2 种不同技术路线的新型结核疫苗免疫原性与体内外有效性评价模型与评价方法。建立 1~2 种新型疫苗的质量控制方法，研制 1~2 种检测与评价用国家标准物质。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国食品药品检定研究院牵头组织优势单位申报。

10. 结核病疫情监测新技术与防控新模式研究（技术开发）

研究内容：利用人工智能与大数据分析技术，集成多组学生物信息、流行病学数据、环境因素和社会经济因素等多源数据，构建集数据收集、存储、管理、分析和共享于一体的结核病疫情监测评估综合信息共享平台，构建疫情评估、风险预测、临床决策支持的算法和数学模型，科学估算不同地区结核病疫情负担及不同干预措施的影响效果和成本效益。在有代表性的中高疫情地区结合各地区患者管理水平、传播规律等多方面因素开展结核病防控效果的综合评价，因地制宜制定防控新模式，构建支撑技术体系，并针对监测新技术和防控新模式开展科学评价。

考核指标：形成 1 套多源数据驱动的疫情监测、预测和诊疗决策支持系统，分别在 2~3 个不同疫情的地区（单个地区不少于 50 万人口）验证实现患者延迟就诊率下降 50%，社区传播风险降低 50%。针对中高疫情地区在不少于 50 万人口规模的地区开展结核防控效果的综合评价，分别提出不少于 1 项适宜的结核病综合防控措施并落地实施，实现主动发现对发病率的贡献大于 70%，结核病发病率的下降速度提升 2 倍以上。

立项方式：定向委托

有关说明：本指南定向委托中国疾病预防控制中心牵头组织优势单位申报。