浙江省科学技术奖公示信息表（单位提名）

提名奖项：科学技术进步奖

|  |  |
| --- | --- |
| 成果名称 | 临床重要病原菌体外快速诊断关键技术创新与临床应用 |
| 提名等级 | 一等奖 |
| 提名书相关内容 | 自然科学奖：提名书的代表性论文专著目录、主要知识产权和标准规范目录；技术发明奖：提名书的主要知识产权和标准规范目录；科学技术进步奖：提名书的主要知识产权和标准规范目录、代表性论文专著目录。 |
| 主要完成人 | 张钧，排名1，教授，浙江大学；阮陟，排名2，研究员，浙江大学；高俊顺，排名3，无，杭州广科安德生物科技有限公司；陈欢，排名4，研究员，杭州微数生物科技有限公司；鲜于运雷，排名5，研究员，浙江大学；贾慧琼，排名6，主管技师，浙江大学；谢鑫友，排名7，教授，浙江大学；吴胜军，排名8，主任技师，浙江大学；于婷，排名9，特聘副研究员，浙江大学；赵锋，排名10，主任技师，浙江大学；傅鹰，排名11，副主任技师，浙江大学；。 |
| 主要完成单位 | 1.单位名称：浙江大学 |
| 提名单位 | 浙江大学 |
| 提名意见 | 该成果围绕临床重要病原菌的体外精准诊断需求，开展了从核心关键技术突破到临床应用转化的系统研究，形成了具有自主知识产权的原创性成果。团队在病原菌基因组序列分析、体外抗菌药物敏感性预测、微生物鉴定与耐药基因快速识别等方面研发了多项创新技术，并获得多项国家发明专利与计算机软件著作权，为临床快速诊断提供了高效、可推广的解决方案，并在全国二十余家医疗与医学检验相关企业推广应用，有效提升了检验效率与分析精度。团队还研发了国内首个服务于疾控和临床的微生物数字化知识库——微数百科，不仅提供专业生物学知识和真实世界风险信息，还可对关键信息进行结构化统计分析。相关成果已发表于ACS Nano、Advanced Materials、Drug Resistance Updates等国际高水平学术期刊，研究内容涵盖病原耐药机制发现、纳米传感与机器学习结合的创新诊断策略、基因组大数据分析及安全性评估，整体水平达到国际前沿。成果的临床应用显著提高了病原检测的灵敏度和特异性，缩短了检验周期，对医院获得性感染、社区获得性耐药菌监测等临床实践产生了积极影响，具有广阔的推广前景。总体而言，该成果实现了从基础研究到临床转化的完整链条，创新性强，应用效果突出，为医学检验诊断领域的技术进步和公共卫生安全保障提供了重要支撑。建议提名该成果为浙江省科学技术进步奖一等奖。 |

七、主要知识产权和标准规范目录

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 知识产权（标准规范）类别 | 知识产权（标准规范）具体名称 | 国家（地区） | 授权号（标准规范编号） | 授权（标准发布）日期 | 证书编号（标准规范批准发布部门） | 权利人（标准规范起草单位） | 发明人（标准规范起草人） | 发明专利（标准规范）有效状态 |
| 发明专利 | 一种针对肺炎克雷伯菌的药物敏感性预测方法及装置 | 中国 | 发明专利号：ZL202410095751.X | 2024-05-03 | 8035315 | 杭州广科安德生物科技有限公司 | 高俊莉、童明杰、**高俊顺**、彭小军、王炜欣、张晓惠、关虹 | 有效 |
| 发明专利 | 一种基于生产环境微生物的鉴定结果的趋势分析方法 | 中国 | 发明专利号：ZL202411131367.7 | 2025-08-19 | 8176302 | 杭州微数生物科技有限公司 | 刘程智、何陆平、孙玲莉、梁倩、王莹、**陈欢** | 有效 |
| 发明专利 | 一种病原微生物基因组快速分析方法及系统 | 中国 | 发明专利号：ZL201510932914.6 | 2018-12-21 | 3190559 | 浙江大学 | 阮陟、陈欢、冯晔、单杲 | 有效 |
| 计算机软件著作权 | 微生物基因组变异自动化检测流程软件 | 中国 | 登记号：2024SR0733791 | 2024-05-29 | 13137664 | 杭州微数生物科技有限公司 | 刘程智、梁倩、陈欢 | 有效 |
| 计算机软件著作权 | 细菌基因组分析平台软件 | 中国 | 登记号：2022SR0201677 | 2022-02-28 | 9155876 | 杭州微数生物科技有限公司 | 刘程智、梁倩、陈欢 | 有效 |

八、代表性论文专著目录

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 作 者 | 论文专著名称/刊物 | 年卷页码 | 发表时间（年、月） | 他引总次数 |
| Yu T, Fu Y, He J, Zhang J, Xianyu Y | Identification of antibiotic resistance in ESKAPE pathogens through plasmonic nanosensors and machine learning/ACS Nano | 17(5):4551-4563. | 2023.03 | 68 |
| Yu T, Su S, Hu J, Zhang J, Xianyu Y | A new strategy for microbial taxonomic identification through micro-biosynthetic gold nanoparticles and machine learning/Advanced Materials | 34(11):e2109365. | 2022.03 | 42 |
| Jia H, Tong Q, Wang L, Wu Y, Li X, Li S, Kong Y, Zhang Y, Furlan JPR, Khine NO, Butaye P, Zhang J, Yang Q, Ruan Z | Silent circulation of plasmid-borne tet(X6) and blaOXA-58 genes in a community-acquired Acinetobacter baumannii strain/Drug Resistance Updates | 79:101194. | 2025.03 | 4 |
| Wang Y, Liang Q, Lu B, Shen H, Liu S, Shi Y, Leptihn S, Li H, Wei J, Liu C, Xiao H, Zheng X, Liu C, Chen H | Whole-genome analysis of probiotic product isolates reveals the presence of genes related to antimicrobial resistance, virulence factors, and toxic metabolites, posing potential health risks/BMC Genomics | 22(1):210. | 2021.03 | 80 |
| Zhuang Y, Li S, Bao D, Furlan JPR, Ruan Z | Genomic integrity in Bordetella pertussis: avoiding contaminant-derived misinterpretations of acquired antimicrobial resistance/Journal of Infection | 89(6):106356. | 2024.12 | 3 |
| 合 计: | 197 |