

拟推荐 2022 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	结核病关键诊疗技术的建立及推广应用
推荐单位/科学家	中华医学会北京分会
推荐意见	针对病原学诊断和精准治疗领域存在的技术瓶颈，黄海荣团队潜心研究十年，分别从病原体和宿主角度开展新型诊断和伴随诊断技术攻关，取得一系列原创性成果并得到推广应用。 1. 开展了针对中国汉族人群结核病易感性的 GWAS 研究，发现 MFN2 基因、HLA-DRB5 基因和 RGS12 基因的多态性与结核病易感性显著相关；发现了 IL6 基因的多态性位点与抗结核药物肝损伤的发生显著相关，为结核病精准防控、主动干预以及优化治疗提供遗传学证据 2. 首次从长期在结核病病房工作且自身未患过结核的医务工作者体内分离到保护性抗体，证实体液免疫可以直接参与结核菌感染的免疫保护。 3. 对结核菌蛋白的赖氨酸乙酰化修饰进行全面分析，发现赖氨酸乙酰化在结核菌维持代谢、发生持留及产生毒力过程中均发挥重要作用。 4. 绘制了结核杆菌复合群的全基因组甲基化图谱，提出 DNA 甲基化修饰是结核杆菌复合群表观调控的重要机制。 5. 发现 rpoC 补偿突变类型决定了耐多药结核病流行株的生存与传播能力，有利于精准防控 6. 发现我国非结核分枝杆菌分离率最高的前 5 位菌种分别是：胞内分枝杆菌、脓肿分枝杆菌、龟分枝杆菌、鸟分枝杆菌和堪萨斯分枝杆菌。 7. 发现抗抑郁药苯乙肼对分枝杆菌具有良好抑菌活性， 本项的开展整体提升了我国结核病诊断水平，促进了结核病诊疗的精准化水平提高。 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 2022 年中华医学科技奖。
项目简介	我国是全球第二大结核病高负担国家，耐药结核和潜伏感染负担严重。针对病原学诊断和精准治疗领域存在明显技术瓶颈，项目组从病原体和宿主角度开展科技攻关，取得一系列原创性成果，推动我国结核病诊疗水平的提升。 创新点一：在解析耐药发生及传播机制的基础上建立了耐药结核诊疗新技术，为耐药结核防控提供技术支撑。 全景解析了我国耐多药结核病的发生发展进程并获得详实的耐药基因突变特征，为耐药结核的精准诊治提供有全国代表性的数据。发现 rpoC 补偿突变类型决定了耐多药结核病流行株的生存与传播能力，有利于精准防控。建立并转化应用烟酰胺替代吡嗪酰胺的药敏试验新方法，改变完全依赖进口技术的现状。首次建立并转化 2 小时患者 N-乙酰基转移酶基因型快速鉴定技术，指导异烟肼个体化剂量选择，减少耐药和副反应的发生。 创新点二：在阐明宿主应对结核菌感染的遗传多样性基础上获得了宿主发病风险和潜伏感染诊断的分子标识，为开展精准干预提供新思路。 首次报道人类宿主可针对结核菌感染产生保护性抗体，为学术界长期以来关于体液免疫是否参与结核病免疫保护的争论提供明确答案，为结核病免疫治疗和疫苗研究提供全新路径。首次报道了可用于筛查汉族人结核病易感者和易于发生抗结核药物性肝损伤的多态性基因位点，发现多个能高效鉴别儿童活动性结核和结核潜伏感染的蛋白标识，有助于干预措施的关口前移，实现“治未病”。开展了国内最大规模儿童结核病流行病学研究，发现儿童更易患肺外重症结核病，年龄越小占比越高。制定全国首个儿童结核潜伏感染的诊断和干预措施的团体标准，设定了筛查方法及

	流程、明确预防性治疗的对象和方案，指导全国规范化诊疗。 创新点三：在解读非结核分枝杆菌（NTM）的流行病学及系统发育进化特点基础上建立我国首个分枝杆菌菌种鉴定网站，为提高结核病鉴别诊断水平提供新工具。 首次报道了我国 NTM 菌种分离组成情况，发现前 5 位菌种占比 82.4%，为 NTM 诊疗提供基础数据。开发国内首个分枝杆菌菌种鉴定网站。首次发现 rpsA 基因可高效鉴别分枝杆菌菌种，提升现有鉴定能力，并命名一个新的分枝杆菌菌种，在此之前由我国命名的分枝杆菌菌种仅 1 例。发现抗抑郁药苯乙肼对分枝杆菌具有良好抑菌活性，为解决 NTM 病治疗选药困难的困境提供候选药物。 创新点四：在揭示结核菌表观遗传学修饰对细菌毒力和致病性的基础上深化了对结核病的认识，为精准化诊疗技术的发展提供新策略。 首次绘制结核杆菌复合群全基因组精准甲基化图谱，发现影响细菌毒力和宿主偏好性的新机制，为鉴别细菌毒力提供潜在靶标。首次发现了结核菌赖氨酸乙酰化蛋白修饰决定结核菌的生存能力和致病性，为新药研发提供靶点。 项目组共发表 SCI 论文 180 余篇，牵头制定团体标准和专家共识 7 项，参与 4 项 WHO 技术指南制定。在 PNAS 等杂志上发表的 10 篇代表性 SCI 论文总影响因子 82.108，单篇最高 16.971；总他引 452 次，单篇最高 120 次。获国家发明专利 9 项，软件著作权 1 项，新菌种收藏证书 1 项。建立了我国最大的结核病临床数据和样本资源库，保藏标本 6 万余份。
--	---

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	Precision methylome characterization of Mycobacterium tuberculosis complex (MTBC) using PacBio single-molecule real-time (SMRT) technology	Nucleic Acids Research	2016, 44(2): 730-43	16.971	祝令香, 钟君, 贾鑫淼, 刘冠, 康宇, 董梦醒, 张秀丽, 李强, 岳丽雅, 李翠丹, 付京, 肖静法, 严姜维, 张冰, 雷梦, 陈素婷, 吕翎娜, 朱宝利, 黄海荣, 陈非	黄海荣, 陈非	SCI 网络版,CNKI	54	否
2	Latently and uninfected healthcare workers exposed to tuberculosis make protective antibodies against Mycobacterium tuberculosis	Proc Natl Acad Sci U S A	2017 ; 114(19): 5023-5028	11.205	李浩, 王星星, 王斌, 傅雷, 刘冠, 陆宇, 操敏, 黄海荣, Javid B	黄海荣, Javid B	SCI 网络版,CNKI	67	否
3	Cross-sectional Whole-genome	Clin Infect Dis	2019;69(3):405-413	9.079	黄海荣, 丁楠, 杨婷婷, 李翠丹, 贾鑫淼,	许绍发, 陈非	SCI 网络版,C	15	否

	Sequencing and Epidemiological Study of Multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis in China				王桂荣, 钟君, 张俊, 姜广路, 王淑琦, 宗兆靖, 荆玮, 赵永亮, 许绍发, 陈非		NKI		
4	Detection of pyrazinamide resistance of Mycobacterium tuberculosis using nicotinamide as a surrogate	Clin Microbiol Infect	2017;23(11):835-838	8.067	胡严杰, 吴晓光, 罗晶晶, 付育红, 赵立平, 马异峰, 李云絮, 梁倩, 尚媛媛, 黄海荣	黄海荣	SCI 网络版, CNKI	8	否
5	Diagnostic accuracy evaluation of the conventional and molecular tests for Spinal Tuberculosis in a cohort, head-to-head study	Emerg Microbes Infect	2018, 7(1): 109-117	5.776	王桂荣, 董伟杰, 兰汀隆, 范俊, 唐恺, 李元, 严广璇, 马异峰, 尚媛媛, 秦世炳, 黄海荣	秦世炳; 黄海荣	SCI 网络版, CNKI	21	否
6	Proteome-wide Lysine Acetylation Profiling of the Human Pathogen Mycobacterium tuberculosis	Int J Biochem Cell Biol	2015, 59: 193-202	5.191	谢龙祥, 王晓波, 曾洁, 周明亮, 段湘科, 李启明, 张震, 罗红萍, 庞蕾, 李武, 廖国建, 于夏, 李云旭, 黄海荣, 谢建平	黄海荣, 谢建平	SCI 网络版, CNKI	120	否
7	The prevalence of non-tuberculous mycobacterial infections in mainland China: Systematic review and meta-analysis	J Infect	2016, 3(6): 558-567	6.00	于霞, 刘鹏年, 刘冠, 赵立平, 胡严杰, 魏国梅, 罗晶晶, 黄海荣	黄海荣	SCI 网络版, CNKI	44	否
8	Compensatory Mutations of	Antimicrob Agents	2016, 62(7):	5.191	李勤静, 焦伟伟, 尹青琴,	黄海荣, 申阿东	SCI 网络	43	否

	Rifampin Resistance Are Associated with Transmission of Multidrug-Resistant Mycobacterium tuberculosis Beijing Genotype Strains in China. Antimicrob Agents Chemother	Chemother	e00072-18		徐放, 李洁琼, 孙琳, 肖婧, 李颖佳, Igor Mokrousov, 黄海荣, 申阿东		版,C NKI		
9	Pediatric tuberculosis at Beijing Children's Hospital: 2002-2010	Pediatrics	2012, 130(6): e1433-40	5.359	吴喜蓉, 尹青琴, 焦安夏, 徐保平, 孙琳, 焦伟伟, 肖婧, 苗青, 申晨, 刘芳, 申丹, 申阿东	申阿东	SCI 网络版,C NKI	54	否
10	Discovery of susceptibility loci associated with tuberculosis in Han Chinese	Hum Mol Genet	2017; 26(23): 4752-4763	5.101	慕辉, 张永彪, 孙琳, 陈诚, 徐彪, 徐放, 刘佳文, 刘锦程, 陈晨, 焦伟伟, 申晨, 肖婧, 李洁琼, 郭雅洁, 王咏红, 李勤静, 尹青琴, 李颖佳, 王婷, 王杏云, 顾明亮, 于军, 申阿东	申阿东	SCI 网络版,C NKI	26	否

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	ZL201310185213.1	2017-05-03	分枝杆菌鉴定方法、试剂盒、通用引物对及 rpsA 基因的应用	黄海荣, 刘冠, 段鸿飞, 姜广路, 戴广明
2	中国发明专利	中国	ZL202010877056.0	2021-11-02	苯乙肼在制备抗脓肿分枝杆菌感染的药物中的应用	黄海荣, 王桂荣, 孙晴, 姜广路, 于霞, 陈素婷
3	中国发明专利	中国	ZL202010876486.0	2022-03-22	苯乙肼在制备抗偶发分枝杆菌感染的药物中的应用	黄海荣, 王桂荣, 孙晴, 姜广路, 于霞, 陈素婷
4	中国发明专利	中国	ZL201911069160.0	2022-05-17	一种检测骨结核标本中环丝氨酸浓度的方	黄海荣;于霞;文舒安;张婷婷;姜广路

					法	
5	中国发明专利	中国	ZL201510190687.4	2016-09-07	儿童活动性结核病蛋白特征谱及其构建方法	申阿东, 李洁琼, 孙琳, 徐放, 慕辉, 肖婧, 申晨, 焦伟伟, 郭雅洁, 王咏红, 佟月娟
6	中国发明专利	中国	ZL201210298955.0	2014-02-19	单核苷多态性 rs3888188 在检测结核病易感性中的应用	申阿东, 申晨, 吴喜蓉, 孙琳, 焦伟伟, 慕辉
7	中国发明专利	中国	ZL201510574277.X	2017-04-12	区分儿童潜伏结核感染者和活动性结核病患者的蛋白特征谱	申阿东, 李洁琼, 孙琳, 徐放, 慕辉, 肖婧, 申晨, 焦伟伟, 郭雅洁, 王咏红, 佟月娟
8	中国发明专利	中国	ZL201610797581.5	2020-05-02	单核苷多态性 rs1800796 位点在检测 ATDH 易感性中的应用	申阿东, 申晨, 慕辉, 汤海京, 李颖佳, 孙琳, 焦伟伟, 杨旭, 李勤静, 田志刚, 李洁琼, 肖婧, 徐放, 王咏红, 郭雅洁
9	中国发明专利	中国	ZL202010688281.X	2021-08-20	DNA 活字存储系统和方法	陈非;卜东波;马灌楠;王晨阳;
10	中国计算机软件著作权	中国	2016SR153706	2016-06-23	分枝杆菌菌种鉴定 DNA 序列对比系统 V1.0	黄海荣, 姜广路

完成人情况表					
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
黄海荣	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	科主任
对本项目的贡献	黄海荣是本申报课题的负责人，对创新点一到创新点四均做出贡献，重要旁证材料见 7-1-1 到 7-1-7，7-2-1 到 7-2-4。主要创新点如下： 1. 首次报道了我国 NTM 菌种分离组成情况及 NTM 菌种的临床相关性。 2. 首次报道了人类宿主可对结核菌感染产生保护性抗体，明确了体液免疫对结核菌感染具有免疫保护作用。 3. 开发了国内首个分枝杆菌菌种鉴定网站，获软件著作权，已在全国 50 多家专业单位推广。 4.首次发现了结核菌赖氨酸乙酰化及戊二酰化蛋白修饰决定结核菌的生存能力和致病性。 5. 首次揭示了结核杆菌复合群全基因组精准甲基化图谱，提出 DNA 甲基化修饰是表观调控的重要机制。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
申阿东	2	首都医科大学附属北京儿童医院	首都医科大学附属北京儿童医院	教授	科主任
对本项目的贡献	对创新点一和创新点二做出贡献，旁证材料见 7-1-8 到 7-1-10，7-2-5 到 7-2-8。 1.获得儿童活动性结核病特异性蛋白特征谱，为后续研发新型儿童结核病特异的免疫学诊断方法、推动儿童结核病早期精准诊断奠定了基础，获国家发明专利 2 项。 2.开展了国内最大规模儿童结核病流行病学研究，发现儿童中结核性脑膜炎等肺外重症结核病的比例远高于				

	成年人，该研究对儿童结核病的早期诊断、疾病管理及预防均有重要意义。 3.首次开展了针对中国汉族人群结核病易感基因的全基因组关联分析，首次发现 MFN2 等基因的单碱基突变与结核病易感性显著相关，获国家发明专利 1 项。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
陈非	3	中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）	中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）	研究员	课题组长
对本项目的贡献	对创新点一和创新点四做出贡献，重要旁证材料见 7-1-1，7-1-3 以及 7-2-9。 1.首次全面地揭示了结核杆菌复合群（MTBC）的全基因组精准甲基化图谱及巨大表型差异的遗传基础，发掘和揭示了多个结核精准诊治的潜在靶标； 2.首次绘制结核杆菌复合群全基因组精准甲基化图谱，发现影响细菌毒力和宿主偏好性的新机制，为鉴别细菌毒力提供潜在靶标；				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
王桂荣	4	北京市结核病胸部肿瘤研究所	北京市结核病胸部肿瘤研究所	研究员	无
对本项目的贡献	对创新点二、创新点三和创新点五做出贡献，旁证材料见 7-1-3，7-1-5，7-2-2 以及 7-2-3。 1. 开展了国际上最大规模的骨结核患者新诊断技术评估队列研究，对 438 例骨结核可疑患者的队列研究发现，GeneXpert 的应用能将骨结核的确诊比例由传统方法的 74.29%提升至 90.6%，并可在 1-2 天内获得药敏结果，指导精准化疗方案的制定。2. 首次分析了结核菌赖氨酸戊二酰化蛋白修饰情况，揭示了赖氨酸戊二酰化在结核菌生理代谢和致病中的作用机制。 3. 发现抗抑郁药苯乙肼对分枝杆菌具有良好抑菌活性，为解决 NTM 病治疗选药困难的困境者提供候选药物。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
于霞	5	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	副教授	无
对本项目的贡献	对创新点三做出贡献，旁证材料见 7-1-7，7-2-2，7-2-3 以及 7-2-4。 1. 首次系统报道了全国范围内非结核分枝杆菌分离及菌种组成情况。 2.发现抗抑郁药苯乙肼对分枝杆菌具有良好抑菌活性，为解决 NTM 病治疗选药困难的困境者提供候选药物。 3.命名分枝杆菌新菌种。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
綦辉	6	首都医科大学附属北京儿童医院	首都医科大学附属北京儿童医院	副研究员	无
对本项目的贡献	对创新点二做出贡献，旁证材料见附件 7-1-10，7-2-6 和 7-2-7。 1.首次开展了针对中国汉族人群结核病易感基因的全基因组关联分析，共计完成了 4468 例结核病患者和 6400 位健康人对照研究。 2.首次发现 MFN2 基因、HLA-DRB5 基因和 RGS12 基因的单碱基突变与结核病易感性的显著相关，获国家发明专利 1 项。研究揭示了我国人群结核病易感的遗传特征，为结核病精准防控及主动干预提供遗传学证据。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
孙琳	7	首都医科大学附属北京儿童医院	首都医科大学附属北京儿童医院	研究员	无

对本项目的贡献	对创新点二做出贡献，见旁证材料见 7-1-9、7-2-5 和 7-2-7。 1.获得儿童活动性结核病特异性蛋白特征谱，为后续研发新型儿童结核病特异的免疫学诊断方法、推动儿童结核病早期精准诊断奠定了基础。首次开展了基于我国活动性结核患儿、结核潜伏感染儿童、健康儿童的血浆蛋白质相对定量分析，共计筛选出 379 个在结核患儿血浆中差异表达的蛋白，以及 12 个可用于区分结核潜伏感染和活动性结核患儿的差异表达蛋白，获国家发明专利 2 项。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
焦伟伟	8	首都医科大学附属北京儿童医院	首都医科大学附属北京儿童医院	研究员	无
对本项目的贡献	对创新点二做出贡献，旁证材料见 7-1-8 和 7-2-5。 1.发现 rpoC 补偿突变对我国 MDR 流行菌株维持细菌生存能力并发生传播至关重要。在纳入的 510 株结核菌临床分离株中，97.6%的发生 rpoC 补偿突变的菌株属于 MDR 菌株，而同时发生 rpoBS531L 和 rpoC 补偿突变的临床菌株成簇率高达 49.3%，提示上述基因型的 MDR 菌株极易于发生传播。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
陈素婷	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	研究员	无
对本项目的贡献	对创新点一和创新点三做出贡献，旁证材料见 7-2-2 和 7-2-3。 1.建立的高分辨率熔解曲线法 2 小时内即可鉴定 NAT2 基因型，与直接测序结果对比一致率 100%。此项技术的应用将实现国内在结核病领域药物基因组学从理论、概念转向临床实践的进步，提高精准治疗水平。 2.发现抗抑郁药苯乙肼对分枝杆菌具有良好抑菌活性，为解决 NTM 病治疗选药困难的困境者提供候选药物。				
姓名	排名	完成单位	工作单位	职称	行政职务
姜广路	10	北京市结核病胸部肿瘤研究所	北京市结核病胸部肿瘤研究所	主任技师	无
对本项目的贡献	对创新点三做出贡献，旁证材料见 7-2-10。开发了国内首个专用于分枝杆菌菌种鉴定的网站（ http://111.207.168.134:8081/NLC ），该平台可鉴定结核分枝杆菌和非结核分枝杆菌各菌种，有利于结核分枝杆菌和非结核分支杆菌病的诊断和鉴别诊断，从而有助于化疗方案的准确制定。此网站获得了计算机转件著作权（2016SR153706），目前仍是国内唯一专用于分枝杆菌菌种鉴定的网站。				
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，兼设有中国疾病预防控制中心国家结核病临床中心、世界卫生组织结核病研究培训合作中心，是一所集预防、医疗、科研于一体的大型结核病专业医学机构。本单位具备完备的结核分枝杆菌研究平台，为本项目的顺利开展提供必要的条件。在医院党委的领导下，项目组潜心研究十年，取得突破性创新成果如下： 1.首次报道了我国 NTM 菌种分离组成情况及 NTM 菌种的临床相关性。 2.首次报道了人类宿主可对结核菌感染产生保护性抗体，明确了体液免疫对结核菌感染具有免疫保护作用。 3.首次发现了结核菌赖氨酸乙酰化及戊二酰化蛋白修饰决定结核菌的生存能力和致病性。 4.首次揭示了结核杆菌复合群全基因组精准甲基化图谱，提出 DNA 甲基化修饰是表观调控的重要机制。				
单位名称	首都医科大学附属北京儿童医院			排名	2
对本项目的贡献	儿童结核是长期危害我国人民生命健康的重大传染病，对其流行规律、诊疗手段长时间缺乏突破成为儿童结核防治的瓶颈。近十年来，我院对以上问题开展了一系列基础和临床研究，并通过推广应用取得了如下成果：				

	1.获得儿童活动性结核病特异性蛋白特征谱，为后续研发新型儿童结核病特异的免疫学诊断方法、推动儿童结核病早期精准诊断奠定了基础。首次开展了基于我国活动性结核病儿童、结核潜伏感染儿童、健康儿童的血浆蛋白质相对定量分析，共计筛选出 379 个在结核病患者血浆中差异表达的蛋白，以及 12 个可用于区分结核潜伏感染和活动性结核病患儿的差异表达蛋白，获国家发明专利 2 项。 2.对连续十年收治的 1212 名儿童结核病的临床特点进行了系统分析，发现儿童中结核性脑膜炎等肺外重症结核病的比例远高于成年人，且年龄越小出现重症结核病的几率越高。该研究对儿童结核病的早期诊断、疾病管理及预防均有重要意义。 3.首次开展了针对中国汉族人群结核病易感基因的全基因组关联分析(GWAS)，共计完成了 4468 例结核病患者和 6400 位健康人对照研究。首次发现 MFN2 基因、HLA-DRB5 基因和 RGS12 基因的单碱基突变与结核病易感性的显著相关，获国家发明专利 1 项。 4.发现 rpoC 补偿突变对我国 MDR 流行菌株维持细菌生存能力并发生传播至关重要。		
单位名称	中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）	排名	3
对本项目的贡献	中国科学院北京基因组研究所成立于 2003 年，是我国生物信息数据汇交、存储的核心骨干力量，承担国家生物信息大数据统一汇交、集中存储、安全管理与开放共享以及前沿交叉研究和转化应用工作，相应配套的数据库体系已获得国际同行的高度认可。近年来，本单位在结核病等致病微生物基因组学潜心研究，取得如下创新成果。具体如下： 1.首次全景式地揭示了结核杆菌复合群（MTBC）的全基因组精准甲基化图谱，全面鉴定及验证了在 MTBC 中广泛存在的 3 种甲基转移酶基因及其对应的 m6A 甲基化基序。 2.全景解析我国耐多药结核病的发生发展进程并获得详实的耐药基因突变特征，为耐药结核的精准诊治提供有全国代表性的数据。		
单位名称	北京市结核病胸部肿瘤研究所	排名	4
对本项目的贡献	北京市结核病胸部肿瘤研究所创建于 1955 年，是国内结核病研究的一流学术机构，为祖国的结核病的诊疗防治事业做出了突出的贡献。本单位潜心研究十年，取得突破性创新成果如下： 1.首次报道了我国 NTM 菌种分离组成情况及 NTM 菌种的临床相关性，发现前 5 位菌种占比 82.4%，常见 NTM 菌种临床相关性多在 90%以上，国外报道多低于 60%。 2.开发了国内首个专用于分枝杆菌菌种鉴定的软件/网站，此网站获得了计算机转件著作权，目前仍是国内唯一专用于分枝杆菌菌种鉴定的网站。 3.发现了 rpsA 基因可用作分枝杆菌菌种鉴定的分子标识，获国家发明专利一项。 4.鉴定并命名了中间戈登分枝杆菌（M. intergordoniae）。		