

新疆和硕地区荒漠景观中无形体感染的流行病学调查

张桂林 孙响 赵焱 刘晓明 郑重 孙毅 刘然

【摘要】 目的 明确无形体病在新疆南部和硕地区人群、山羊与媒介蜱种群中流行状况, 探明该地区无形体种属多样性。方法 采集当地健康人和山羊的血液样本, 捕捉蜱样本; 利用间接免疫荧光方法检测血清无形体特异性IgG抗体; 通过巢式PCR方法检测无形体16S rDNA基因片段, 通过序列比对分析确定无形体种属特征。结果 和硕地区农牧民、山羊血清中无形体特异性IgG抗体阳性率分别为43.31%(55/127)和27.50%(55/200); 采集获得蜱共367只, 包括3属4种, 其中主要为亚洲璃眼蜱(47.41%)和短小扇头蜱(37.60%); 蜱、羊血样本无形体核酸阳性率分别为5.00%(18/360)和4.49%(7/156), 人血中未检出无形体; 序列测定与比对分析表明, 阳性扩增序列与嗜吞噬细胞无形体(GU046565、GU064897、AB196721)同源性最高, 分别为99.2%、99.5%和99.5%, 与中央无形体16S rDNA(GU064903)序列一致, 同源性为99.2%。结论 新疆和硕地区荒漠景观中存在人嗜吞噬细胞无形体与中央无形体的流行, 并可能通过亚洲璃眼蜱与短小扇头蜱传播。

【关键词】 无形体; 蜱; 山羊; 自然疫源地

Prevalence of *Anaplasma* spp. infection in a desert landscape region of Heshuo, Xinjiang
ZHANG Gui-lin¹, SUN Xiang¹, ZHAO Yan¹, LIU Xiao-min¹, ZHENG Zhong¹, SUN Yi², LIU Ran¹.
1 Centers for Disease Control and Prevention of Xinjiang Military Command Area, Urumqi 830011, China; 2 Institute of Microbiology and Epidemiology, Academy of Military Medical Sciences
Corresponding author: ZHANG Gui-lin, Email: xjglzhang@126.com

This work was supported by a grant from the Chinese State Key Laboratory of Pathogen and Biosecurity (No. SKLPBS915).

【Abstract】 Objective To study the prevalence of *Anaplasmosis* among human, domestic sheep and tick population in Heshuo area, southern Xinjiang and to investigate the diversity of *Anaplasma* species. **Methods** Ticks were captured from wild field and blood samples were collected from healthy residents and their domestic sheep. Indirect fluorescent assay was carried out to determine the presence of *Anaplasma* specific IgG antibodies in blood sample of human and goats, respectively. Nested PCR and sequence alignment of *Anaplasma partial* 16S rDNA were used to investigate the diversity of *Anaplasma* species. **Results** 43.31% (55/127) of human beings and 27.50% (55/200) of the goats were found positive for *Anaplasma* specific IgG. In total, 367 ticks were captured, including 3 genus and 4 species, which mainly consisting of dominate *Hyalomma* (*H.*) *asiaticum* (47.41%) and *Rhipicephalus* (*R.*) *pumilio* (37.60%). 5.00% (18/360) of the questing ticks and 4.49% (7/156) of the goat blood samples were found to have had 16S rDNA, representing *Anaplasma* sp. by nested PCR, but none was found from human beings. Results from sequential alignment revealed that the positive amplicons were identified to be *Anaplasma phagocytophilum* (99.2% GU046565, 99.5% GU064897 and 99.5% AB196721) and *Anaplasma central* (99.2% GU064903). **Conclusion** Human and zoonotic anaplasmosis, which were probably transmitted by *H. asiaticum* and *R. pumilio*, were co-circulating in the desert landscape of Heshuo area, Xinjiang.

【Key words】 *Anaplasma*; Ticks; Goats; Endemic

嗜吞噬细胞无形体(*Anaplasma phagocytophilum*)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.02.010

基金项目: 病原微生物生物安全国家重点实验室开放基金课题 (SKLPBS915)

作者单位: 830011 乌鲁木齐, 新疆军区疾病预防控制中心(张桂林、孙响、赵焱、刘晓明、郑重、刘然); 军事医学科学院微生物流行病研究所(孙毅)

通信作者: 张桂林, Email: xjglzhang@126.com

主要通过硬蜱属(*Ixodes*)节肢动物叮咬引起人畜共患病。无形体属广泛分布于亚欧大陆, 其中俄罗斯远东地区是无形体重要的疫源地^[1,2]。有研究表明我国各地人群中无形体特异性抗体阳性率约为2.77%~26.7%^[3], 提示该病在我国有广泛流行。近些年我国东北、华中、华南等多个地区陆续发现无形体病疫源地^[4,5], 其媒介包括全沟硬蜱(*I. persulcatus*)、森林革

蜱 (*D. silvarum*)、草原革蜱 (*D. nuttalli*)、嗜群血蜱 (*H. concinna*)、长角血蜱 (*H. longicornis*) 及残缘璃眼蜱 (*H. detritum*) 等。我国新疆地区生态景观复杂, 气候类型多样, 蜱种类繁多。范德生等^[6]从伊犁地区全沟硬蜱中检出嗜吞噬细胞无形体; 孟庆玲等^[7]在新疆北部古尔班通古特沙漠调查发现亚洲璃眼蜱 (*H. asiaticum*) 等荒漠蜱种中检出边缘无形体、绵羊无形体等。提示新疆地区亦存在无形体属病原流行, 且优势媒介蜱种和已知蜱传疾病谱与我国其他地区存在明显差异。目前对新疆南部荒漠地区无形体病的流行状况尚不清楚。为此本研究选择新疆南部和硕地区作为研究现场, 通过血清学和分子生物学方法对畜牧业从业者、家畜羊以及蜱种群进行无形体流行病学调查。

材料与方 法

1. 研究现场生态景观特征: 新疆和硕县位于东经 86°37' ~ 88°22', 北纬 41°25' ~ 42°47', 地处新疆中部, 天山中段南麓, 焉耆盆地东北部, 是南、北、东疆的交汇点。该地属暖温带大陆性干旱气候, 分北部山区、南部山区和中部平原三个不同的气候区, 以荒漠、半荒漠景观为主。全县辖 6 乡 1 镇, 均以农牧业为主。本研究调查地点包括特吾里克镇的清水河农场、乌什塔拉乡、乃仁克尔乡、曲惠乡、塔哈其乡和新塔热乡。其中清水河农场、乌什塔拉乡、曲惠乡、塔哈其乡均位于中部平原地区, 主要为荒漠半荒漠及戈壁绿洲生境, 新塔热乡靠近博斯腾湖, 为草地或半荒漠草地生境, 乃仁克尔乡位于南天山山区, 气候属于暖温带山地气候, 为山地草原生境。

2. 调查对象及标本采集: 2009 年及 2010 年 3—4 月在和硕地区通过人诱法和家畜体表检法收集蜱标本, 并根据蜱形态学特征进行分类鉴定; 选定蜱危害地区农牧业从业者或与蜱接触高风险人群以及羊分别抽取静脉血 5 ml, 离心获得血清, 分装后于 -20 °C 冷藏备用。采集人血液样本时, 告知研究目的并按要求填写登记表, 详细记录被采集者的居住地、年龄、性别、民族、职业、蜱叮咬史等。

3. 研究方法:

(1) 间接免疫荧光法 (IFA) 检测: 利用 IFA 检测人、羊血清中人无形体 IgG 抗体。血清用磷酸缓冲液 (PBS) 按倍比稀释依次至 1:32、1:64、1:128。荧光二抗使用 1:200 稀释的 FITC 标记抗人 IgG 抗体、抗羊 IgG 抗体 (中杉金桥生物试剂公司)。利用荧光显微镜 (Nikon ECLIPSE 80i) 进行观察。无形

体抗原片、兔阳性血清由中国疾病预防控制中心传染病预防控制所无形体研究室提供。IgG 抗体阳性参考值为 $\geq 1:64$ 。

(2) 核酸制备及扩增检测: 置单只蜱于 70% (V/V) 乙醇浸泡 15 min, 利用灭菌去离子水漂洗 3 次。研磨后利用 DNA 抽提试剂盒 (TaKaRa) 制备蜱总 DNA。利用基因组 DNA 抽提试剂盒 (北京全式金) 制备人、山羊全血核酸。上述操作均按说明书方法进行。

利用半巢式特异引物 (GE9f: 5' -AAC GGA TTA TTC TTT ATA AGC TTG CT-3' 与 GE10r: 5' -TTC CGT TAA GAA GGA TCT AAT CTC C-3', Ehr521: 5' -TGT AGG CGG TTC GGT AAG TTA AAG-3')^[8,9] 对细菌 16S rDNA 基因片段进行扩增, PCR 仪为 Applied Biosystems 公司, 型号 GeneAmp PCR System 2700。扩增体系为 25 μ l, 其中包括 12.5 μ l 2 \times Taq 聚合酶扩增预混液 (北京天根生化公司), DNA 模板 5 μ l, GE9f 与 Ge10r 引物 (10 μ mol/L) 各 1 μ l, 灭菌去离子水 5.5 μ l。热扩增条件: 94 °C 热变性 3 min, 35 轮热循环中, 每轮 94 °C 热变性 30 s, 52 °C 退火 30 s, 72 °C 扩增 45 s, 最后 72 °C 延伸 5 min。取 5 μ l 扩增产物再利用 GE9f 与 Ehr521 对无形体 16S rDNA 基因片段进行半巢式扩增, 25 μ l 反应体系与上述方法相同。除退火温度设为 55 °C, 其他扩增条件不变。每份阳性扩增产物交由上海英骏公司进行双向测序。

(3) 序列比对与同源性分析: 利用 Mega 5.05 程序 Clustal-W 方法进行比对分析。嗜吞噬细胞无形体 16S rDNA 片段序列 GenBank 登录号为 HQ872463、GQ412338、DQ449948、GU046565、GU556622、ESU23038、HQ629916、JN558811、AB196721、HM366584 与 HQ872463。边缘无形体、羊无形体与中央无形体 16S rDNA 片段序列 GenBank 登录号分别为 HM538192、JQ917893、JQ917897、AF309869 与 GU064903。立氏立克次体 16S rDNA 片段序列设为对照, GenBank 登录号为 RRU11021。Hesh-1、Hesh-2、Hesh-3、Hesh-4 与 Hesh-5 为本研究扩增获得无形体特异性 16S rDNA 片段。

4. 统计学分析: 利用 SPSS 19.0 软件进行统计分析, 结果通过 χ^2 检验确定组间、地区间阳性率差异, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1. 蜱种群组成及其分布特征: 在和硕县 5 个乡 1

个农场共采集蜱3属4种367只,主要为荒漠种类。其中短小扇头蜱(*R. pumilio*)138只(37.60%),分布在清水河农场;亚洲璃眼蜱(*H. asiaticum*)174只(47.41%),分布在清水河农场、乌什塔拉乡、乃仁克尔乡、塔哈其乡和新塔热乡;图兰扇头蜱(*R. turanicus*)数量较少,共采集14只(3.81%),分布在清水河农场;边缘革蜱(*D. marginatus*)41只(11.17%),主要分布在乃仁克尔乡。

2. 血清流行病学调查:为进一步明确无形体病IgG抗体在人群与牲畜间流行病学特征,利用IFA检测人和山羊血清中无形体特异IgG抗体(表1)。采集人血清标本共127份,其中阳性血清55份,阳性率为43.31%。不同采集地点人群血清阳性率的差异有统计学意义($\chi^2=14.55, P=0.002$),其中新塔热、乌什塔拉和乃仁克尔乡人群血清阳性率分别为71.43%(20/28)、41.67%(10/24)和43.75%(14/32),曲惠乡最低为25.58%(11/43)。共采集山羊血标本200份,检出阳性血清55份,阳性率为27.50%,不同地点山羊血清阳性率的差异有统计学意义($\chi^2=15.51, P=0.004$),山羊血清阳性率以清水河农场最高,为50.0%(19/38),新塔热、曲惠、乌什塔拉和乃仁克尔乡分别为12.82%(5/39)、28.20%(11/39)、19.61%(10/51)、30.30%(10/33)。对调查人群按照不同年龄、性别、民族、职业分组,血清阳性率结果见表2。以每10岁为一年龄组,共分6组,各年龄组均有感染。其中感染率最高的是40~49岁组,阳性率为68.00%(17/25);最低为<20岁组,主要是学生,阳性率为24.00%(6/25),各年龄组间阳性率的差异无统计学意义($\chi^2=10.310, P=0.067$)。男性阳性率为43.01%(40/93),女性为44.12%(15/34),性别间阳性率的差异无统计学意义($\chi^2=0.012, P=0.911$)。汉族人群阳性率为42.30%(11/26),哈萨克族为41.67%(5/12),维吾尔族为43.82%(39/89),不同民族间感染率的差异无统计学意义($\chi^2=0.085, P=0.958$)。根据人群蜱暴露概率,将牧民及农民定为蜱接触机会较高的职业,其感染率为50.52%(49/97),机关工作人员、学生等室内工作人员定为蜱接触机会较少的职业,感染率为20.00%(6/30),不同职业人群感染率的差异有统计学意义($\chi^2=8.690, P=0.003$)。

3. 无形体16S rDNA 核酸检测:利用PCR扩增与测序对本次调查所采集的蜱样本进行无形体16S rDNA检测。共检测蜱样本360只,其中18只呈无形体16S rDNA扩增阳性条带(约400 bp),总阳性率

表1 新疆和硕地区不同采集点人群、山羊血清中无形体IgG阳性率

采集地生态景观	采集点	IgG阳性率(%)	
		人	山羊
荒漠、半荒漠	新塔热乡	71.43(20/28)	12.82(5/39)
	清水河农场	41.67(10/24)	50.00(19/38)
	曲惠乡	25.58(11/43)	28.20(11/39)
荒漠草地	乌什塔拉乡	43.75(14/32)	19.61(10/51)
山地草原	乃仁克尔乡	-	30.30(10/33)

注:同表1

表2 新疆和硕地区人群无形体血清流行病学调查

组别	检测人数	阳性例数	阳性率(%)
年龄(岁)			
<20	25	6	24.00
20~	5	2	40.00
30~	48	20	41.67
40~	25	17	68.00
50~	13	6	46.15
60~69	11	4	45.45
性别			
男	93	40	43.01
女	34	15	44.12
民族			
汉族	26	11	42.30
哈萨克族	12	5	41.67
维吾尔族	89	39	43.82
职业			
接触蜱机会多	97	49	50.52
接触蜱机会少	30	6	20.00

为5.00%(18/360)。亚洲璃眼蜱、短小扇头蜱种群中阳性率分别为4.79%(8/167)和7.25%(10/138)。图兰扇头蜱、边缘革蜱种群未获得无形体核酸阳性扩增结果。蜱种间无形体阳性率的差异无统计学意义($\chi^2=0.69, P=0.406$)。上述阳性扩增蜱种主要采集于和硕县清水河农场,蜱种群阳性率为12.86%(18/140)。本研究利用相同方法检测山羊血标本156份,其中7份呈阳性,阳性率为4.49%(表3)。检测人血标本90份,未检测出阳性。

表3 新疆和硕地区不同采集点蜱和山羊中无形体16S DNA扩增阳性率

采集地生态景观	采集点	蜱种				山羊
		短小扇头蜱	图兰扇头蜱	亚洲璃眼蜱	边缘革蜱	
荒漠、半荒漠	清水河农场	10/76	0/14	8/64	-	4/64
	新塔热乡	-	-	0/19	-	3/48
	曲惠乡	0/62	-	-	-	0/28
荒漠草地	乌什塔拉乡	-	-	0/72	-	0/8
山地草原	乃仁克尔乡	-	-	0/12	0/41	0/8

注:分子为阳性数,分母为检测数

序列比对结果表明,阳性扩增产物中包含5种无形体特异性基因片段 Hesh-01($n=13$)、02($n=$

5)、03(n=2)、04(n=5)与05(n=3)。序列同源分析结果表明(图1),Hesh-01和Hesh-02与韩国济州岛鹿与长角血蜱体内中检出嗜吞噬细胞无形体16S rDNA序列(GU046565、GU064897)同源性最高,分别为99.2%和99.5%。Hesh-03序列与日本北海道地区序列(AB196721)同源性为99.5%。上述序列分别从亚洲璃眼蜱(n=2)和羊(n=3)获得16S rDNA片段。Hesh-04、Hesh-05序列与韩国济州岛长角血蜱体内中检出中央无形体(*A. centrale*)16S rDNA序列(GU064903)同源性最高(99.2%)。该序列从短小扇头蜱(n=10)、亚洲璃眼蜱(n=6)和羊(n=4)体内扩增获得。

讨 论

和硕地区位于新疆南部,具有独特的荒漠、半荒漠化草地生态景观生态系统。本研究发现亚洲璃眼蜱、短小扇头蜱为和硕地区优势蜱种,分布广泛。其中亚洲璃眼蜱是新疆塔里木盆地边缘荒漠景观中优势蜱种,是克里米亚-刚果出血热(Crimean-Congo hemorrhagic fever)等多种蜱传疾病传播的重要媒介^[10]。通过无形体16S rDNA检测,和硕地区蜱、羊体内分别携带有嗜吞噬细胞无形体和中央无形体。前者是引起人类粒细胞无形体病的病原,在浙江、吉林、河南、湖北等地的蜱和啮齿动物体内均有检出^[11-13]。后者是主要对牛、羊等牲畜具有亲嗜性,但致病力较弱,在一些欧洲国家作为活疫苗供牲畜免疫^[14]。本研究在新疆和硕地区发现中央无形体,在国内尚属首次。其次,从无形体16S

rDNA序列比对仍可发现和硕地区的无形体流行株与我国多地流行株均存在2~5个碱基的差异,与韩国济州岛或与日本北海道地区流行株同源关系更接近^[15,16]。提示和硕地区存在无形体变种。

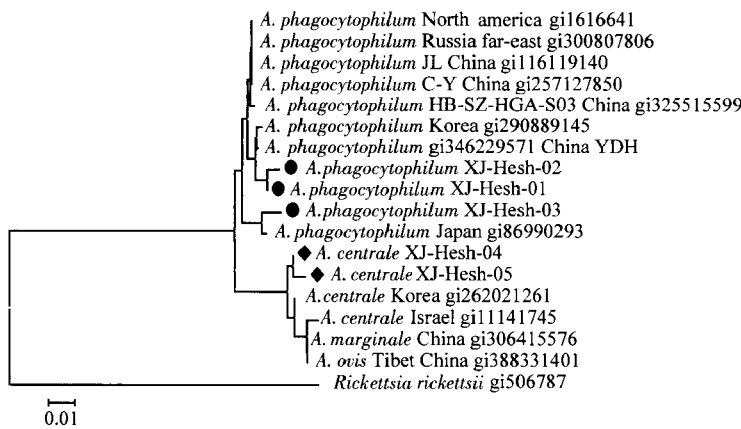
和硕地区人与牲畜血清无形体IgG抗体阳性率偏高,提示普遍存在无形体隐性感染。目前无形体血清学诊断方法均使用全菌抗原。多抗体识别表位能保证菌体抗原在免疫学检测中灵敏度,但囿于与无形体属其他成员可能发生的血清交叉反应^[17],不能保证与无形体种属反应的特异性。由于和硕地区存在两种以上无形体的流行,故本研究血清学结果中,抗体阳性率可能与嗜吞噬细胞无形体和中央无形体所致感染均存在一定关系。

无形体菌体表面蛋白(MSP)与外膜蛋白是无形体科细菌重要的抗原性物质,抗原-抗体反应特异性更强。Santos等^[18]通过噬菌体文库筛选获得牛无形体MSP羧基端的保守短肽序列。Lai等^[19]利用血小板型无形体(*A. platys*)外膜蛋白作为抗原,与无形体其他成员没有血清学交叉反应。上述研究提示无形体种属抗原表位的发现能够转化为更加灵敏、特异的血清学诊断方法。

综上所述,本研究表明以和硕地区为代表的新疆荒漠景观存在无形体病的流行,并为该地区中蜱传无形体病预防控制工作奠定基础。

参 考 文 献

- [1] Derdakova M, Stefancikova A, Spitalska E, et al. Emergence and genetic variability of *Anaplasma* species in small ruminants and ticks from Central Europe. *Vet Microbiol*, 2011, 153 (3-4): 293-298.
- [2] Rar VA, Livanova NN, Panov VV, et al. Genetic diversity of *Anaplasma* and *Ehrlichia* in the Asian part of Russia. *Ticks Tick Borne Dis*, 2010, 1(1): 57-65.
- [3] Zhang L, Liu H, Xu B, et al. *Anaplasma phagocytophilum* infection in domestic animals in ten provinces/cities of China. *Am J Trop Med Hyg*, 2012, 87(1): 185-189.
- [4] Zhou Z, Nie K, Tang C, et al. Phylogenetic analysis of the genus *Anaplasma* in Southwestern China based on 16S rRNA sequence. *Res Vet Sci*, 2010, 89 (2): 262-265.
- [5] Liu Z, Ma M, Wang Z, et al. Molecular survey and genetic identification of *Anaplasma* species in goats from central and southern China. *Appl Environ Microbiol*, 2012, 78(2): 464-470.



注：●表示 *A. phagocytophilum*；◆表示 *A. centrale*；XJ-Hesh-01 与 XJ-Hesh-04 分别由亚洲璃眼蜱、短小扇头蜱体内检出；XJ-Hesh-02、03 与 05 由山羊血中检出；*Rickettsia rickettsii* 设为组外对照。系统发生树由 Mega 5.05 绘制，同源比对分析基于 Neigbor-joining 算法，Bootstrap 值为 1000 次重复后计算所得

图1 基于16S rDNA序列的无形体同源比对分析

- [6] Fan DS, Yu HL, Wu BX, et al. Divergence of *Anaplasma* isolates from domestic animals in Yili of Xinjiang province, China. *Chin J Zoonoses*, 2011, 27(4):327-330. (in Chinese)
范德生, 禹惠兰, 吴保新, 等. 新疆伊犁地区无形体流行病学调查及病原16S rRNA序列分析. *中国人兽共患病学报*, 2011, 27(4):327-330.
- [7] Meng QL, Qiao J, Sheng JL, et al. Survey on tick-borne *Anaplasma* *taceae* in the south edge of Gurbantunggut desert. *Chin J Vet Sci*, 2012, 32(8):1158-1163. (in Chinese)
孟庆玲, 乔军, 盛金良, 等. 古尔班通古特沙漠南缘蜱携带无形体的调查. *中国兽医学报*, 2012, 32(8):1158-1163.
- [8] Chen SM, Dumler JS, Bakken JS, et al. Identification of a *Granulocytic ehrlichia* species as the etiologic agent of human disease. *J Clin Microbiol*, 1994, 32:589-595.
- [9] Goodman JL, Nelson C, Vitale B, et al. Direct cultivation of the causative agent of human *Granulocytic ehrlichiosis*. *N Engl J Med*, 1996, 334:209-215.
- [10] Sun S, Dai X, Aishan M, et al. Epidemiology and phylogenetic analysis of Crimean-Congo hemorrhagic fever viruses in Xinjiang, China. *J Clin Microbiol*, 2009, 47(8):2536-2543.
- [11] Zhan L, Cao WC, Jiang JF, et al. *Anaplasma phagocytophilum* in livestock and small rodents. *Vet Microbiol*, 2010, 144 (3-4):405-408.
- [12] Jiang JF, Jiang BG, Yu JH, et al. *Anaplasma phagocytophilum* infection in ticks China-Russia border. *Emerg Infect Dis*, 2011, 17(5):932-934.
- [13] Yaxue Z, Hongtao J, Qiuyue W, et al. Molecular detection of *Anaplasma phagocytophilum* in Ixodid ticks in Hebei province, China. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2011, 11(10):1323-1327.
- [14] Agnes JT, Brayton KA, LaFollett M, et al. Identification of *Anaplasma marginale* outer membrane protein antigens conserved between *A. marginale sensu stricto* strains and the live *A. marginale* subsp. *centrale* vaccine. *Infect Immun*, 2011, 79(3):1311-1318.
- [15] Kang JG, Ko S, Kim YJ, et al. New genetic variants of *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma bovis* from Korean water deer (*Hydropotes inermis argyropus*). *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2011, 11(7):929-938.
- [16] Ybanez AP, Matsumoto K, Kishimoto T, et al. Molecular analyses of a potentially novel *Anaplasma* species closely related to *Anaplasma phagocytophilum* detected in sika deer (*Cervus nippon yesoensis*) in Japan. *Vet Microbiol*, 2012, 157(1-2):232-236.
- [17] Al-Adhami B, Scandrett WB, Lobanov VA, et al. Serological cross-reactivity between *Anaplasma marginale* and an *Ehrlichia* species in naturally and experimentally infected cattle. *J Vet Diagn Invest*, 2011, 23(6):1181-1188.
- [18] Santos PS, Nascimento, Rodrigues LP, et al. Functional epitope core motif of the *Anaplasma marginale* major surface protein 1a and its incorporation onto bioelectrodes for antibody detection. *PLoS One*, 2012, 7(3):e33045.
- [19] Lai TH, Orellana NG, Yuasa Y, et al. Cloning of the major outer membrane protein expression locus in *Anaplasma platys* and seroreactivity of a species-specific antigen. *J Bacteriol*, 2011, 193(12):2924-2930.

(收稿日期:2012-10-22)

(本文编辑:张林东)

中华流行病学杂志第六届编辑委员会通讯编委名单

- | | | |
|---------------------|-------------------|-----------------------|
| 陈曦(湖南省疾病预防控制中心) | 窦丰满(成都市疾病预防控制中心) | 高婷(北京市疾病预防控制中心) |
| 姜宝法(山东大学公共卫生学院) | 李杰(北京大学医学部) | 李十月(武汉大学公共卫生学院) |
| 李秀央(浙江大学医学院公共卫生学院) | 廖苏苏(中国医学科学院基础医学院) | 林玫(广西壮族自治区疾病预防控制中心) |
| 林鹏(广东省疾病预防控制中心) | 刘爱忠(中南大学公共卫生学院) | 刘刚(四川省疾病预防控制中心) |
| 刘静(北京安贞医院) | 刘莉(四川省疾病预防控制中心) | 刘玮(军事医学科学院微生物流行病学研究所) |
| 鲁凤氏(北京大学医学部) | 欧剑鸣(福建省疾病预防控制中心) | 彭晓旻(北京市疾病预防控制中心) |
| 邱洪斌(佳木斯大学) | 赛晓勇(解放军总医院) | 苏虹(安徽医科大学公共卫生学院) |
| 汤哲(首都医科大学附属宣武医院) | 田庆宝(河北医科大学公共卫生学院) | 王蓓(东南大学公共卫生学院) |
| 王素萍(山西医科大学公共卫生学院) | 王志萍(山东大学公共卫生学院) | 谢娟(天津医科大学公共卫生学院) |
| 徐爱强(山东省疾病预防控制中心) | 徐慧芳(广州市疾病预防控制中心) | 严卫丽(新疆医科大学公共卫生学院) |
| 阎丽静(中国乔治中心) | 杨春霞(四川大学华西公共卫生学院) | 余运贤(浙江大学医学院公共卫生学院) |
| 曾哲淳(北京安贞医院) | 张波(宁夏回族自治区卫生厅) | 张宏伟(第二军医大学) |
| 张茂俊(中国疾病预防控制中心传染病所) | 张卫东(郑州大学公共卫生学院) | 赵亚双(哈尔滨医科大学公共卫生学院) |
| 朱谦(河南省疾病预防控制中心) | 祖荣强(江苏省疾病预防控制中心) | |