

广西壮族自治区2014年登革热暴发疫情流行病学特征和病原溯源

陈敏玫 谭毅 唐振柱 林玫 周开姣 何为涛 阳益萍 王静

530028 南宁,广西壮族自治区疾病预防控制中心 急性传染病防制所

通信作者:谭毅, Email: tanyigxcdc@126.com

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.10.007

【摘要】 目的 了解2014年广西壮族自治区(广西)登革热暴发疫情流行病学特征和病原来源。方法 描述疫情时间、人群和地区分布特征,应用ELISA方法检测血清标本中的登革病毒(DENV)NS1抗原,用RT-PCR方法对NS1抗原阳性标本进行DENV血清分型、E基因序列扩增和测定,分析E基因序列一致性和进化关系。结果 2014年9—12月广西暴发DENV-1和DENV-2引起的本地登革热疫情,报告登革热病例854例(实验室诊断病例712例,临床诊断病例142例),79.63%(680/854)病例集中在2014年9月22日至10月21日;所有病例均为典型登革热病例,无重症和死亡病例;83.61%(714/854)病例年龄为15~59岁,46.60%(398/854)病例职业为干部和商业服务;疫情主要发生在南宁市和梧州市,E基因进化分析表明,中国南宁市本地病例分离株属DENV-1基因I型,与新加坡分离毒株(SG EHI D1/529Y13)一致性为100.00%;梧州市本地病例分离株与广东省分离毒株(D14005)同源性最高,属DENV-2 Cosmopolitan基因型。结论 2014年广西登革热暴发疫情可能由输入性病例或媒介引起,中国南宁市本地暴发疫情病原为DENV-1,可能来源于新加坡;梧州市本地暴发疫情病原为DENV-2,可能从广东省输入。应加强输入性登革热病例监测和早期检测,做好蚊媒监测,提高疑似登革热病例诊断意识,以有效防控登革热疫情。

【关键词】 登革热;暴发;登革病毒

Study of epidemiological characteristics and viral sources of dengue fever outbreak in Guangxi Zhuang Autonomous Region, 2014 Chen Minmei, Tan Yi, Tang Zhenzhu, Lin Mei, Zhou Kaijiao, He Weitao, Yang Yiping, Wang Jing

Institute of Emerging Infectious Diseases Prevention and Control, Guangxi Zhuang Autonomous Region Center for Disease Control and Prevention, Nanning 530028, China

Corresponding author: Tan Yi, Email: tanyigxcdc@126.com

【Abstract】 Objective To understand the epidemiological characteristics and viral sources of dengue fever outbreak in Guangxi Zhuang Autonomous Region (Guangxi) in 2014. **Methods** A combined analysis of epidemiological characteristics and genetic characteristics were performed in this study. The time, population and area distributions of the cases were analyzed. Serum samples were collected from dengue fever cases to detect NS1 antigen by using commercial ELISA kits according to the guideline of the manufacture. RT-PCR assay was conducted to detect dengue virus in NS1 positive samples. Phylogenetic tree based on E gene sequence of dengue virus were further analyzed. **Results** During September–December 2014, an outbreak of dengue fever caused by dengue virus type 1 and 2 occurred in Guangxi, a total of 854 cases were reported without death, including 712 laboratory confirmed cases and 142 clinical diagnosed cases, in which 79.63% (680/854) occurred during 22 September–21 October 2014. All the cases had typical dengue fever symptoms. Most cases occurred in Nanning and Wuzhou, in which 83.61% (714/854) were in age group 15–59 years; 46.60% (398/854) were staff or people engaged in commercial service. A total 526 serum samples were tested for dengue virus serotype by RT-PCR assay. Among 414 positive samples, 345 were positive for dengue virus type 1 (DENV-1) and 69 were positive for dengue virus type 2 (DENV-2), no DENV-3 and DENV-4 were detected. The results of phylogenetic analysis of E gene sequence indicated that the sequences of 99.12% (113/114) of DENV-1 strains in Nanning in China shared 100.00% homology with the isolate (SG EHI D1/529Y13) from Singapore in 2013, which belonged to the genotype I; All the DENV-2 isolates from Wuzhou shared 99.80% homology with the isolate (D14005) from Guangdong province, which belonged to genotype Cosmopolitan. **Conclusions** The outbreak was caused by

DENV-1 from Singapore and DENV-2 from Guangdong province in China. It is necessary to strengthen the surveillance and early warning for imported dengue fever, conduct vector control and improve the diagnosis of suspected dengue fever cases for the effective control of dengue fever outbreak.

【Key words】 Dengue fever; Outbreak; Dengue virus

登革热是传播速度较快的蚊媒病毒病之一,近30年在全球超过100个国家引起暴发流行,全球约25亿~40亿人存在感染DENV的风险,每年约有3.9亿人感染DENV^[1-4],已经成为全球面临的重大公共卫生问题^[5-6]。由于经济全球化发展、国际间旅行和城市扩张等因素影响,我国由输入病例引起的登革热暴发流行风险不断升高^[7-8],广东^[9-11]、云南^[12]、福建^[13]、河南^[14]等省均报告了由输入病例引起的登革热暴发。广西壮族自治区(广西)白纹伊蚊分布广泛且密度高,发生登革热流行风险极高^[15],曾于1980年和1986年两次报告登革热疫情暴发^[16]:1980年广西合浦、钦州市暴发第一次登革热疫情,共报告1 515例病例,死亡2例;第二次登革热疫情于1986年在北海市暴发,106名当地居民被感染。之后28年,广西没有本地登革热疫情报告。2014年广西暴发第三次本地登革热疫情,共报告登革热病例854例。为明确此次疫情特征和病原来源,本文对此次登革热疫情的流行病学和病原特征进行分析。

对象和方法

1. 病例定义:依据原卫生部颁发的《登革热诊断标准》(WS 216-2008),分为疑似、临床诊断和实验室诊断病例。根据获得感染地域不同分为输入病例和本地病例,本地病例指发病前14 d内未离开本县区(现住址)的登革热病例;输入病例包括境外输入病例和境内输入病例两类。境外输入病例指发病前14 d内到过登革热流行的国家或地区的病例。境内输入病例是指发病前14 d内离开本县区(现住址)、到过本县区外的境内登革热流行地区的病例。

2. 研究方法:

(1)流行病学资料收集和分析:报告的登革热病例信息来自中国CDC信息系统和现场流行病学个案调查。病例流行病学个案调查由当地CDC工作人员与患者面对面访谈完成,主要变量包括患者性别、年龄、职业等。数据采用SPSS 22.0软件进行统计学分析。

(2)标本收集和DENV NS1抗原检测:医疗机构医务人员对诊断为登革热疑似病例采集非抗凝血液标本2~5 ml,24 h内送辖区市级CDC进行DENV NS1抗原(北京万泰生物药业股份有限公司)检测。

分离的血清保存于2 ml螺口冻存管中,置-70℃冰箱保存。DENV NS1抗原检测阳性标本送广西CDC进行病毒分离和DENV血清分型。

(3)核酸检测:采用磁珠法提取病例血清中病毒RNA(Ambion by life technologies),血清分型和E基因扩增采用一步法RT-PCR试剂盒进行检测(Qiagen),DENV通用引物和血清分型引物序列参考《登革热诊断标准》(WS 216-2008),E基因扩增引物参考文献[17]。实验操作步骤参考试剂盒说明书。

(4)序列测定:测序均在生工生物工程(上海)股份有限公司完成。用于序列进化分析的参考株来自GenBank,使用ClustalX 1.8软件和Mega 6.0软件进行核苷酸序列比对和一致性分析,并用邻接法(NJ)构建核苷酸系统进化树,可信度评估采用Bootstrap,取1 000次重复。

结果

1. 流行病学特征:广西于2014年6月13日报告首例输入性登革热病例,9月23日报告首例本地病例;2014年6月13日至2014年12月8日共报告登革热病例854例,其中临床诊断病例142例,实验室诊断病例712例,无死亡病例。854例病例中,男女性别发病数比为1:1.34(365/489);发病年龄以青壮年占多数,15~59岁组占总病例数的83.61%,最小1岁,最大81岁。职业以干部职员(26.11%)为主,其次为商业服务者(20.49%)和家务及待业人员(16.04%)(表1)。病例主要集中在2014年9月22日至10月21日出现,期间共累计报告680例(79.63%),平均每天报告病例21.94例(图1)。854例病例中,91.33%(780/854)为本土患者,8.67%(74/854)为输入性病例;广西所辖14个市中,3个市同时报告本地病例和输入病例,9个市只有输入病例报告,2个市无病例报告。报告的74例输入性病例中,其中3例来自泰国病例输入中国南宁市(6月20日报告);67例来自广东省,只有1例于9月23日前输入至桂林市,其余66例于9月28日至11月12日期间输入;4例从广西南宁市输出(表2)。

2. DENV NS1抗原检测:对收集的862例疑似登革热病例急性期血清标本862份进行DENV NS1

表 1 2014 年广西报告登革热病例人口学特征

人口学特征	病例数(n=854)	构成比(%)
年龄组(岁)		
0~	38	4.45
15~	234	27.40
30~	297	34.78
45~	183	21.43
60~	102	11.94
职业分布		
干部职员	223	26.11
商业服务者	175	20.49
家务及待业人员	137	16.04
农民工	73	8.55
儿童及学生	60	7.03
医务人员	14	1.64
其他	172	20.14

表 2 2014 年广西登革热病例地区分布

地区	本地病例数	输入性病例数	合计	输入地区
南宁	709	13	722	中国广东省、泰国
梧州	70	14	84	广东省、广西南宁市
贺州	1	12	13	广东省
钦州	0	10	10	广东省
贵港	0	6	6	广东省
桂林	0	5	5	广东省
玉林	0	5	5	广东省、广西南宁市
北海	0	3	3	广东省
百色	0	2	2	广东省
河池	0	2	2	广东省
柳州	0	1	1	广东省
来宾	0	1	1	广西南宁市
崇左	0	0	0	-
防城港	0	0	0	-
合计	780	74	854	-

抗原检测,阳性 712 份。

3. DENV 血清分型:应用 RT-PCR 方法对 526 份

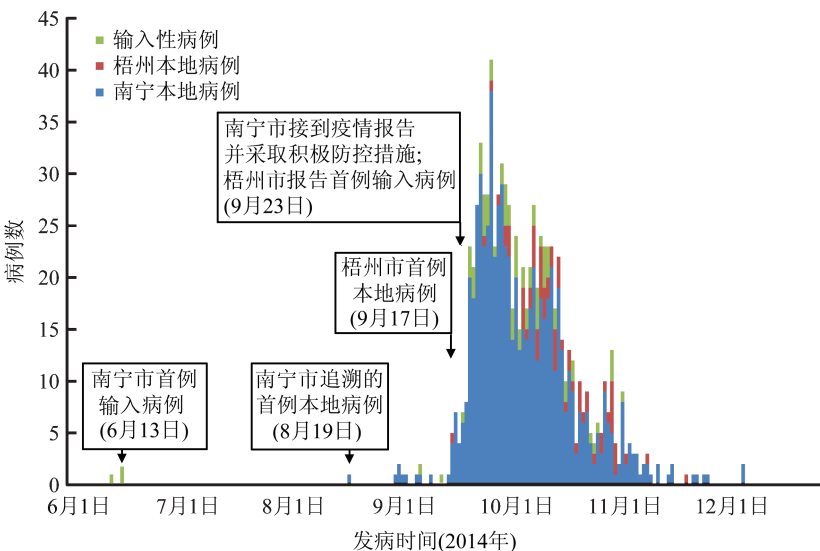


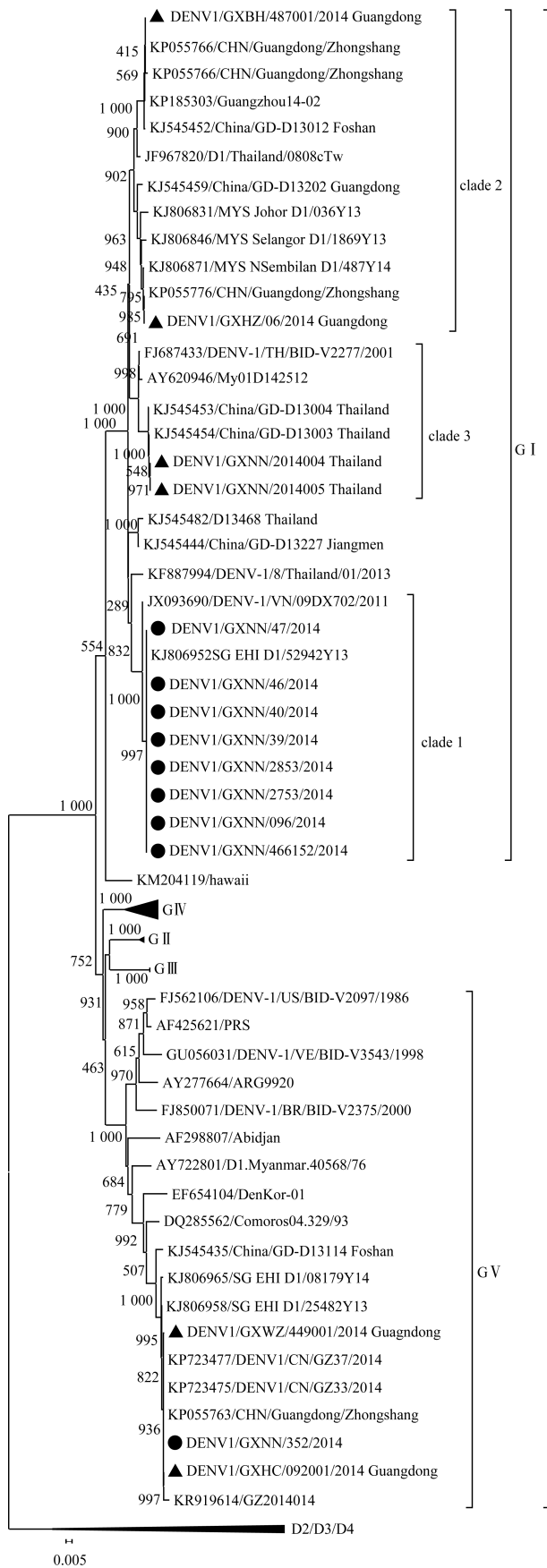
图 1 2014 年广西登革热病例报告时间分布图(按发病日期统计)

DENV NS1 抗原阳性血清标本进行 DENV 血清分型,414 份分型阳性,其中 DENV-1 血清型 345 份(83.33%),DENV-2 血清型 69 份(16.67%),未检出 DENV-3 血清型、DENV-4 血清型。

4. DENV-1 的 E 基因核苷酸序列分析:对 DENV-1 检测阳性标本进行 E 基因序列测定,共获得 120 条 E 基因序列(1 485 bp),核苷酸序列一致性为 90.90%~100.00%,未发现核苷酸插入或缺失。114 条序列来自南宁市本地病例,其中 113 条序列与新加坡 2013 年分离的登革毒株(SG EHI D1/529Y13, KJ806952)核苷酸序列一致性最高,为 100.00%;与马来西亚、缅甸、泰国及中国广东省 2014 年同期分离的 DENV-1 毒株序列一致性为 90.62%~97.33%;6 条序列来自输入性病例,其中 2 条序列来自泰国输入性病例(6 月 20 日报告),4 条序列来自中国广东省输入性病例,与南宁市本地病例核苷酸序列一致性分别为 96.85%和 90.90%~97.30%。

根据 E 基因核苷酸序列一致性和标本采集时间,选取 9 条南宁市本地病例序列为代表,6 条输入性病例序列以及从 NCBI 下载不同国家、地区 DENV-1 的 E 基因核苷酸序列,以 DENV-2、DENV-3 和 DENV-4 为外株,构建 NJ 进化树。结果显示,2014 年广西登革热疫情中的 DENV-1 存在 2 种基因型:I 型和 V 型,其中基因 I 型分为 3 个分支,来自中国南宁市本地病例的序列在同一分支上(clade 1),与新加坡毒株亲缘性最高,同属基因 I 型;2 例泰国输入性病例是中国南宁市最早报告的输入性病例(2014 年 6 月 20 日报告),其序列(DNEV-1/GXNN/2014004Thailand 和 DNEV-1/GXNN/2014005 Thailand)在进化树上与来自泰国的毒株在同一分支上(clade 3);从广东输入的 4 例病例序列分别来自北海、河池和梧州市报告的输入性病例,与 2014 年广东省登革疫情流行株共同分布在基因 I 型 clade 2 和基因 V 型分支上(图 2)。

5. DENV-2 的 E 基因核苷酸序列分析:测序获得 40 条梧州市本地病例 E 基因序列,长 1 485 bp,序列一致性为 100.00%;在 NCBI 进行比对,与广东 2014 年 DENV-2 分离株(D14005)同源型最高,E 基



注：●为本地病例，▲为输入病例；参考序列标签标记为 GenBank 号/毒株名称

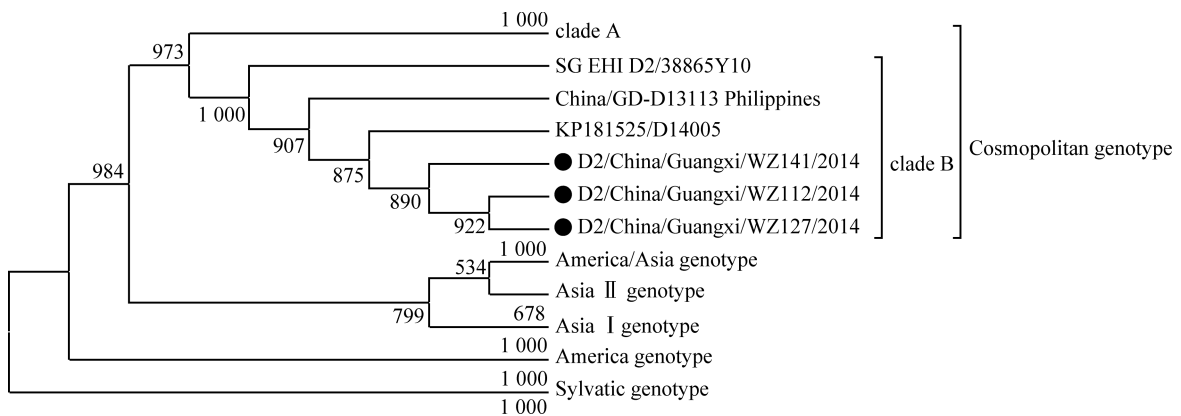
图2 2014年广西 DENV-1 E 基因核苷酸进化树

因核苷酸一致性为 99.80%；NCBI 中只收录 1 条广西 1987 年登革热疫情中分离的毒株 43 (AF204178)，梧州市本地病例与毒株 43 的核苷酸序列一致性仅为 94.21%。从 NCBI 下载 DENV-2 的 E 基因序列，序列按照分离时间、地点和核苷酸一致性进行筛选，选取 3 条梧州市本地病例序列和 100 株 NCBI 下载的 DENV-2 序列，构建 E 基因 NJ 进化树。结果显示，毒株 43 属于 Asian-2 基因型，梧州市本地病例序列与其不在同一分支上，而是与 2014 广东分离株最近，在同一分支，属于 Cosmopolitan 基因型(图 3)。

讨 论

DENV 分为 4 种血清型(DENV-1、DENV-2、DENV-3 和 DENV-4)，不同国家和地区流行的 DENV 具有基因型和序列地域特异性，可作为登革热病原溯源的主要依据^[18]。广西曾报告 DENV-2 和 DENV-3 引起的登革热疫情暴发，1980 年发生第一次登革热暴发流行主要由 DENV-3 引起，1986 年暴发的第二次登革热疫情病原为 DENV-2^[16]，2014 年广西报告第三次本地登革热暴发疫情，经实验证实由 DENV-1 和 DENV-2 同时引起。其中 DENV-1 首次在广西引起登革热暴发流行，83.25% (345/414) 的血清分型阳性病例标本中检测到 DENV-1 核酸，是此次登革热疫情的主要病原；在中国南宁市本地登革热病例中同时检测到基因 I 型和 V 型两种基因型，99.12% (113/114) 来自南宁市本地病例的序列和 2014 年 6 月 20 日报告的 2 例从泰国输入病例的序列均属于基因 I 型，但在进化树上位于不同的分支上，其中泰国输入病例的序列位于基因 I 型 clade 3 分支上，而 113 例中国南宁市本地病例的序列与来自新加坡 2013 年的流行株单独成一个分支(clade 1)，可见南宁市本地登革热疫情病原可能来源于新加坡，6 月 20 日报告的泰国输入病例并未引起传播。来自梧州市 40 例病例具有共同的 E 基因序列，与广西 1987 年登革热疫情中分离的 DENV-2 毒株 43 在不同的分支上，而是与广东 2014 年登革热疫情中分离到的 DENV-2 毒株(D14005)一致性最高，并在进化树同一分支上，说明梧州市登革热疫情的病原可能从广东省输入。

本次暴发共发现 74 例输入性病例，其中 67 例 (90.54%) 来自广东，3 例 (4.05%) 来自泰国，其他



注: ●为本地病例;参考序列标签标记为 GenBank 号/毒株名称

图 3 2014 年广西 DENV-2 型 E 基因核苷酸进化树

县区从南宁市输入 4 例(5.40%)。能追溯的首例输入病例是 2014 年 6 月 13 日来自泰国的病例,但流行病学调查和基因序列分析结果表明,该输入病例并未引起本地登革热疫情传播;8 月 19 日最早报告的本地病例所携带的病毒传播导致了此次暴发疫情,其病毒可能由新加坡等东南亚国家输入,但不能追溯到首例输入病例,无法确定本土病例和来自新加坡或马来西亚输入性病例/媒介在此次暴发之间的联系。此情况和 2014 年广东省登革热暴发疫情类似^[19],提示应加大对出入境人员登革热监测力度,尽早发现输入性病例;加强登革热流行病学和病原学监测,开展更为深入的现场调查,评估蚊媒繁殖动态等措施暴露 DENV 的传播关系。

登革热的潜伏期为 3~15 d。病例于 9 月 22 日至 10 月 21 日集中出现,11 月初后病例报告显著下降,12 月 8 日后不再有病例报告。此次疫情得到有效控制的原因,除了考虑采取了防蚊灭蚊等措施外,也需要考虑 11 月初气温下降导致的蚊媒活动度减少以及蚊媒密度降低的原因^[20]。另外,从首例本土病例出现到采取积极防控措施需要 34 d,从采取积极防控措施到疫情显著下降需要超过 45 d(3 个最长潜伏期),提示要加强临床医生对登革热病例诊断、报告意识;加大病例报告地区的防控措施,加强国际协作,对减少广西登革热疫情暴发、降低疫情规模将大有裨益。

综上所述,推测 2014 年广西登革热暴发疫情存在两条不同的传播链,从中国广东省输入的 Cosmopolitan 基因型 DENV-2 引起了梧州市登革热本土传播,而来自新加坡的基因 I 型 DENV-1 则引起中国南宁市本土登革热疫情暴发。在登革热高度易感地区,单个输入的病例便可引发流行^[5]。广西是登革热暴发流行高风险地区,东与中国广东省交

界,南与越南接壤,需警惕再次发生由输入性病例或媒介引起本地登革热暴发流行。

本研究有局限性。DENV 血症期较短,发病 5 d 后采集的血液标本中 DENV 核酸检出率低于 45.8%^[21],本文只对 526 例发病 5 d 内采集的病例血液标本进行病毒血清分型,阳性率仅为 48.48%,但不影响对疫情主要病原型别和来源的判断。另外,由于各种原因未能追溯到首例输入病例,以及 NCBI 中收录的近几年越南、泰国等东南亚国家 DENV 序列较少,无法确定本土病例和来自新加坡或马来西亚等国家输入性病例/媒介在此次暴发之间的联系。

利益冲突 无

参 考 文 献

- [1] Jelinek T, Mühlberger N, Harms G, et al. Epidemiology and clinical features of imported dengue fever in Europe: sentinel surveillance data from TropNetEurop[J]. Clin Infect Dis, 2002, 35(9):1047-1052. DOI:10.1086/342906.
- [2] Tuiskunen A, Hjertqvist M, Vene S, et al. Increased number of dengue cases in Swedish travelers to Thailand[J]. Infect Ecol Epidemiol, 2011, 1:7240. DOI:10.3402/iee.v1i0.7240.
- [3] Bhatt S, Gething PW, Brady OJ, et al. The global distribution and burden of dengue[J]. Nature, 2013, 496(7446):504-507. DOI:10.1038/nature12060.
- [4] Brady OJ, Gething PW, Bhatt S, et al. Refining the global spatial limits of dengue virus transmission by evidence-based consensus[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2012, 6(8):e1760. DOI:10.1371/journal.pntd.0001760.
- [5] World Health Organization. Dengue: guidelines for diagnosis, treatment, prevention and control [EB/OL]. (2009) [2016-04-18]. <http://www.who.int/tdr/publications/documents/dengue-diagnosis.pdf>.
- [6] Massad E, Coutinho FAB. The cost of dengue control[J]. Lancet, 2011, 377(9778):1630-1631. DOI:10.1016/S0140-6736(11)60470-4.
- [7] Wu JY, Lun ZR, James AA, et al. Dengue fever in mainland

China [J]. Am J Trop Med Hyg, 2010, 83 (3) : 664-671. DOI: 10.4269/ajtmh.2010.09-0755.

[8] Lai SJ, Huang ZJ, Zhou H, et al. The changing epidemiology of dengue in China, 1990-2014: a descriptive analysis of 25 years of nationwide surveillance data [J]. BMC Med, 2015, 13: 100. DOI: 10.1186/s12916-015-0336-1.

[9] Jiang T, Yu XD, Hong WX, et al. Co-circulation of two genotypes of dengue virus serotype 3 in Guangzhou, China, 2009 [J]. Virol J, 2012, 9: 125. DOI: 10.1186/1743-422X-9-125.

[10] Peng HJ, Lai HB, Zhang QL, et al. A local outbreak of dengue caused by an imported case in Dongguan China [J]. BMC Public Health, 2012, 12: 83. DOI: 10.1186/1471-2458-12-83.

[11] Jing QL, Yang ZC, Luo L, et al. Emergence of dengue virus 4 genotype II in Guangzhou, China, 2010: survey and molecular epidemiology of one community outbreak [J]. BMC Infect Dis, 2012, 12: 87. DOI: 10.1186/1471-2334-12-87.

[12] 冯云, 范建华, 朱进, 等. 云南省景洪市2013年登革热暴发的分子流行病学研究 [J]. 中华流行病学杂志, 2014, 35(12): 1409-1411. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.12.022.

Feng Y, Fan JH, Zhu J, et al. Molecular epidemiology of an outbreak of Dengue fever in Jinghong city, Yunnan province, China, 2013 [J]. Chin J Epidemiol, 2014, 35 (12) : 1409-1411. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.12.022.

[13] 严延生, 洪荣涛, 沈晓娜, 等. 福州市2004年登革热流行病学和病原学特征分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2006, 27(5): 371-374.

Yan YS, Hong RT, Shen XN, et al. Study on the epidemiology and etiologic agent of Dengue fever outbreaks in Fuzhou in 2004 [J]. Chin J Epidemiol, 2006, 27(5) : 371-374.

[14] Huang XY, Ma HX, Wang HF, et al. Outbreak of Dengue fever in central China, 2013 [J]. Biomed Environ Sci, 2014, 27 (11) : 894-897. DOI: 10.3967/bes2014.125.

[15] 谭毅, 冯向阳, 蒋解花. 2002-2003年广西登革热蚊媒监测研究 [J]. 中华卫生杀虫药械, 2004, 10(3): 154-156. DOI: 10.3969/j.issn.1671-2781.2004.03.006.

Tan Y, Feng XY, Jiang JH. Analysis on the Dengue vector surveillance results during 2002-2003 in Guangxi [J]. Chin J Hyg Insect Equip, 2004, 10 (3) : 154-156. DOI: 10.3969/j.issn.1671-2781.2004.03.006.

[16] 崔君兆. 中国登革热 [M]. 南宁: 广西壮族自治区卫生防疫站, 1983.

Cui JZ. Dengue fever in China [M]. Nanning: Guangxi Zhuang Autonomous Region Health Anti-Epidemic Station, 1983.

[17] Jiang LY, Wu XW, Wu YJ, et al. Molecular epidemiological and virological study of dengue virus infections in Guangzhou, China, during 2001-2010 [J]. Virol J, 2013, 10: 4. DOI: 10.1186/1743-422X-10-4.

[18] Messina JP, Brady OJ, Scott TW, et al. Global spread of dengue virus types: mapping the 70 year history [J]. Trends Microbiol, 2014, 22(3): 138-146. DOI: 10.1016/j.tim.2013.12.011.

[19] Sun JF, Wu D, Zhou HQ, et al. The epidemiological characteristics and genetic diversity of dengue virus during the third largest historical outbreak of dengue in Guangdong, China, in 2014 [J]. J Infect, 2016, 72 (1) : 80-90. DOI: 10.1016/j.jinf.2015.10.007.

[20] Brady OJ, Golding N, Pigott DM, et al. Global temperature constraints on *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus* persistence and competence for dengue virus transmission [J]. Parasit Vectors, 2014, 7: 338. DOI: 10.1186/1756-3305-7-338.

[21] Pok KY, Lai YL, Sny J, et al. Evaluation of nonstructural 1 antigen assays for the diagnosis and surveillance of dengue in Singapore [J]. Vector Borne Zoonotic Dis, 2010, 10(10) : 1009-1016. DOI: 10.1089/vbz.2008.0176.

(收稿日期: 2016-05-03)

(本文编辑: 斗智)

中华流行病学杂志第七届编辑委员会通讯编委名单

(按姓氏汉语拼音排序)

陈曦(湖南)	党少农(陕西)	窦丰满(四川)	高婷(北京)	高立冬(湖南)	还锡萍(江苏)	贾曼红(云南)
金连梅(北京)	荆春霞(广东)	李琦(河北)	李十月(湖北)	李秀央(浙江)	林玫(广西)	林鹏(广东)
刘莉(四川)	刘玮(北京)	刘爱忠(湖南)	马家奇(北京)	倪明健(新疆)	欧剑鸣(福建)	潘晓红(浙江)
彭晓旻(北京)	彭志行(江苏)	任泽舫(广东)	施国庆(北京)	汤奋扬(江苏)	田庆宝(河北)	王丽(北京)
王璐(北京)	王金桃(山西)	王丽敏(北京)	王志萍(山东)	武鸣(江苏)	谢娟(天津)	解恒革(海南)
严卫丽(上海)	阎丽静(北京)	么鸿雁(北京)	余运贤(浙江)	张宏伟(上海)	张茂俊(北京)	张卫东(河南)
郑莹(上海)	郑素华(北京)	周脉耕(北京)	朱益民(浙江)	祖荣强(江苏)		