

江苏省 2012—2015 年伤寒/副伤寒沙门菌耐药及分子分型研究

孔筱筱 董晨 嵇红 汪洋 鲍倡俊 霍翔 钱慧敏

210009 南京,江苏省疾病预防控制中心急性传染病防制所(孔筱筱、董晨、嵇红、鲍倡俊、霍翔、钱慧敏); 210029 南京医科大学(汪洋)

通信作者:钱慧敏, Email:jsqhm@126.com

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2017.11.022

【摘要】 目的 回顾性分析 2012—2015 年江苏省伤寒/副伤寒沙门菌的耐药表型和分子分型特征。**方法** 采集江苏省伤寒/副伤寒监测病例的血液和粪便标本,分离培养伤寒/副伤寒沙门菌后进行生化鉴定和血清分型;采用 Kirby-Bauer 纸片法检测菌株对抗菌药物的敏感性;应用 PFGE 技术对伤寒和甲型副伤寒沙门菌进行分子分型。**结果** 134 株伤寒沙门菌和甲型副伤寒沙门菌对萘啶酸的耐药率最高,分别为 61.2% 和 86.7%,其余抗生素的耐药率均低于 15.0%。伤寒和甲型副伤寒沙门菌中只耐 1 种抗生素的菌株最多,多重耐药菌在伤寒沙门菌中占 2.6%,而在甲型副伤寒沙门菌中占 13.3%。2015 年伤寒沙门菌的全敏感菌株构成比较 2012 年增加了 44.3%,同年副伤寒沙门菌中出现了耐 5 种和 6 种抗生素的多重耐药株。甲型副伤寒沙门菌可分为 8 种 PFGE 型别,多重耐药株与其他菌株条带相似性低,不同型别与耐药谱有对应关系;伤寒沙门菌可分为 68 种 PFGE 型别,不同型别间变异度较大,与耐药谱无对应关系。**结论** 2012—2015 年江苏省伤寒/副伤寒沙门菌对抗生素的耐药性总体随时间降低,耐药种类数有所增加。伤寒沙门菌株 PFGE 带型呈现多样性,无耐药谱对应性;而甲型副伤寒菌株 PFGE 带型较少,有耐药谱对应性。需要加强重点地区重点型别菌株的监测。

【关键词】 伤寒/副伤寒沙门菌; 耐药性; 分子分型; 脉冲场凝胶电泳

Antimicrobial resistance and molecular subtypes of *Salmonella typhi* and *Salmonella paratyphoid* isolates from Jiangsu province, 2012–2015 Kong Xiaoxiao, Dong Chen, Ji Hong, Wang Yang, Bao Changjun, Huo Xiang, Qian Huimin

Department of Acute Infectious Disease Control and Prevention, Jiangsu Provincial Center for Disease Control and Prevention, Nanjing 210009, China (Kong XX, Dong C, Ji H, Bao CJ, Huo X, Qian HM); Nanjing Medical University, Nanjing 210029, China (Wang Y)

Corresponding author: Qian Huimin, Email: jsqhm@126.com

【Abstract】 **Objective** To retrospectively analyze the antimicrobial resistance phenotype and molecular typing characteristics of *Salmonella* (*S.*) *typhi* and *S. paratyphi* in Jiangsu province from 2012 to 2015. **Methods** The samples were collected from typhoid and paratyphoid patients in Jiangsu province. The biochemical identification and serotyping were carried out after isolation and culture. Kirby-Bauer (K-B) testing was used to detect the drug susceptibility of the strains. The molecular typing characteristics of *S. typhi* and *S. paratyphi* were analyzed by pulsed field gel electrophoresis (PFGE). **Results** The resistant rates of 134 *S. typhi* and *S. paratyphi* A strains to nalidixic acid were highest (61.2% and 86.7%), while the resistant rates to remaining antibiotics were less than 15.0%. Most of *S. typhi* and *S. paratyphi* A strains were resistant to only one antibiotic. Multidrug-resistant (MDR) strains of *S. typhi* and *S. paratyphi* A accounted for 2.6% and 13.3% respectively. The composition of the all-sensitive strains of *S. typhi* increased by 44.3% in 2015, at the same time, there were also MDR *S. paratyphi* A strains, which were resistant to 5 and 6 antibiotics. *S. paratyphi* A could be divided into eight molecular patterns by PFGE, showing that the similarity between the MDR strains and other strains was relatively low. The *S. paratyphi* A strains with same pattern were resistant to same antibiotics. *S. typhi* could be divided into 68 molecular patterns by PFGE, with large variability between different patterns. There was no corresponding relationship between the patterns and the drug resistance characteristics. **Conclusions** The overall antibiotic resistance of *S. typhi* and *S. paratyphi* A strains showed a decreasing trend, but the number of

antibiotics to which they were resistant increased. PFGE patterns of *S. typhi* showed diversity without correspondence to antibiotic characteristics. PFGE patterns of *S. paratyphi* A were less with correspondence to antibiotic characteristics. We should pay more attention to key patterns in key areas.

【Key words】 *Salmonella typhi/paratyphi*; Antimicrobial resistance; Molecular typing; Pulsed field gel electrophoresis

伤寒和副伤寒是由伤寒和副伤寒沙门菌引起的全身感染性疾病,典型症状包括低热、寒战、腹痛和肝脾肿大等。在南亚、非洲等中低收入地区由该病带来的疾病负担很大,其中学龄前儿童所受影响更为明显^[1]。中国伤寒/副伤寒发病率整体呈现下降趋势,由2009年的1.3/10万下降至2012年的0.9/10万,2012年江苏省全年发病率仅为0.3/10万,远低于全国平均水平^[2]。但是近期江苏省伤寒/副伤寒发病率有明显上升,2016年达到0.4/10万,部分地区伤寒和副伤寒疫情时有发生。本研究对2012—2015年江苏省伤寒/副伤寒沙门菌进行了回顾性研究。

材料与方法

1. 菌株来源:134株伤寒/副伤寒菌株收集自2012—2015年江苏省伤寒/副伤寒监测系统的临床诊断病例。符合以下临床症状和实验室检查的病例作为临床诊断病例:不明原因持续发热或反复发热 ≥ 5 d,体温 ≥ 39 °C,头痛、全身乏力、表情淡漠、相对缓脉、伴消化道症状或皮肤充血或多系统受累表现,白细胞总数低或正常。菌株由各地/市CDC根据病程不同采集本辖区内临床诊断病例的血样和粪便标本,进行伤寒、副伤寒沙门菌的分离,其中伤寒116株,甲型副伤寒15株,乙型副伤寒3株。

2. 主要试剂和仪器:麦康凯选择性培养基购自广州环凯微生物科技公司;血琼脂培养基、M-H培养基、药敏纸片购自英国OXOID公司;API20E生化鉴定条购自法国BioMérieux公司;限制性内切酶*Xba* I、蛋白酶K购自大连宝生物工程有限公司;Seakem Gold Agarose购自瑞士Lonza公司;沙门菌诊断血清、Swarm诱导琼脂购自丹麦SSI公司。CHEF MAPPER脉冲场电泳仪、GelDoc XR凝胶成像仪购自美国Bio-Rad公司。

3. 研究方法:

(1) 细菌鉴定与血清分型:参照《伤寒、副伤寒防治手册》进行菌株分离纯化及生化鉴定试验^[3]。血清分型实验通过玻片凝集法确定O抗原和H抗原,参照《White-Kauffmann-Le Minor抗原表》得到血清型别^[4]。

(2) 药物敏感性试验:参照改良Kirby-Bauer纸片法测定伤寒/副伤寒沙门菌对药物的敏感性,试验

药物包括氨苄西林(AMP)、阿莫西林/克拉维酸(AMC)、头孢噻吩(CFT)、头孢噻肟(CTX)、庆大霉素(GEN)、萘啶酸(NAL)、环丙沙星(CIP)、四环素(TBT)和复方新诺明(SMZ)。试验方法和结果判定根据美国临床实验室标准化协会2013年标准,质控菌株为大肠埃希菌ATCC25922^[5]。

(3) PFGE分子分型:按照PulseNet China监测网络中沙门菌PFGE标准分型方法,选用限制性内切酶*Xba* I对伤寒/副伤寒沙门菌进行酶切分型^[6]。电泳条件:脉冲时间为2.2~63.8 s,电泳时间为17.5 h;分子质量标记选用参考菌株沙门菌H9812。用BioNumerics 4.0软件对电泳图谱进行聚类分析并绘制树状图。聚类算法选择非加权组平均法(unweighted pair group method using arithmetic averages),相似性系数采用Dice系数,条带位置优化值为1.5%,容许度为1.5%。

结 果

1. 药物敏感性分析:134株伤寒沙门菌和甲型副伤寒对第一代喹诺酮类抗生素NAL的耐药率最高,分别为61.2%和86.7%,对其余抗生素的耐药率均低于15.0%,其中GEN全敏感。甲型副伤寒沙门菌对NAL的耐药率高于伤寒和乙型副伤寒沙门菌(表1)。随着时间推移,伤寒沙门菌对NAL的耐药率逐年降低,由2012年的80.0%下降至2015年的40.7%;而甲型副伤寒沙门菌对NAL的耐药率一直维持在80.0%以上,未随时间推移而下降,同

表1 2012—2015年江苏省伤寒/副伤寒沙门菌对9种抗生素耐药情况

抗生素	伤寒沙门菌 (n=116)	甲型副伤寒 沙门菌(n=15)	乙型副伤寒 沙门菌(n=3)	合计
AMP	9(7.8)	2(13.3)	1(33.3)	12(9.0)
AMC	3(2.6)	0(0.0)	1(33.3)	4(3.0)
CFT	4(3.4)	1(6.7)	1(33.3)	6(4.5)
CTX	1(0.9)	0	1(33.3)	2(1.5)
GEN	0	0	0	0
NAL	71(61.2)	13(86.7)	0	84(62.7)
CIP	2(1.7)	2(13.3)	0	5(3.7)
TBT	2(1.7)	2(13.3)	1(33.3)	5(3.7)
SMZ	1(0.9)	1(6.7)	1(33.3)	10(7.5)

注:括号外数据为耐药菌株数,括号内数据为耐药率(%);AMP:氨苄西林;AMC:阿莫西林/克拉维酸;CFT:头孢噻吩;CTX:头孢噻肟;GEN:庆大霉素;NAL:萘啶酸;CIP:环丙沙星;TBT:四环素;SMZ:复方新诺明

时对 AMP、CIP 和 TBT 的耐药率呈现逐年升高趋势 (表 2)。

2012—2015 年江苏省分离的伤寒/副伤寒沙门菌未显示明显的多重耐药性。所有伤寒沙门菌均耐 ≤4 种抗生素,其中只耐 1 种抗生素的菌株最多,占 53.4%(62/116),多数为耐 NAL 的菌株;其次为全敏感的菌株占 34.5%(40/116);耐 ≥3 种抗生素的菌株只占 2.6%(3/116)。甲型副伤寒沙门菌中只耐 1 种抗生素的菌株比例也最高,占 60.0%(9/15),而耐 ≥3 种抗生素的菌株高于伤寒沙门菌,占 13.3%(2/15);乙型副伤寒沙门菌中有 1 株耐 6 种抗生素,是本研究多重耐药性最明显的菌株。从时间趋势看,伤寒沙门菌中全敏感菌株的构成比从 2012 年的 15.0% 上升至 2015 年的 59.3%;而单重耐药菌从 2012 年的 72.5% 下降至 2015 年的 22.2%。甲型副伤寒沙门菌中单重耐药菌比例也从 2013 年的 87.5% 下降至 2015 年的 0;而耐 ≥2 种抗生素的菌株比例日趋增多,尤其在 2015 年,甲、乙型副伤寒沙门菌出现了 5 重和 6 重耐药菌,耐药谱分别为耐 AMP-NAL-CIP-TBT-SMZ 和耐

AMP-AMC-CFT-CTX-TBT-SMZ。

2. PFGE 分型分析:15 株甲型副伤寒沙门菌 *Xba* I 酶切后可分为 8 种不同的型别,相似度为 61.4%~100.0%,分别命名为 JSPA01~JSPA08,优势型别为 JSPA05(6 株),见图 1。PFGE 型别与耐药谱具有一定的对应关系,同一型别的菌株耐药谱一致,如 JSPA01 均为全敏感菌株;耐药谱一致的菌株其 PFGE 型别基本一致,除了耐药谱为耐 NAL 的菌株,其中 2 株为 JSPA02 型,6 株为 JSPA05 型。耐 ≤2 种抗生素的菌株相似度较高,均高于 84.0%;耐 AMP-NAL-CIP-TBT-SMZ 和耐 AMP-CFT-NAL-TBT 的菌株与其他菌株相似度较低,分别为 79.4% 和 61.4%。在地区分布上,南京市分离的甲型副伤寒沙门菌较为相似,除 1 株 JSPA03 型外,其他都属于 JSPA05 型,且分离于同一年份。

116 株伤寒沙门菌经 *Xba* I 酶切后可分为 68 种不同的型别,相似度为 54.2%~100.0%,分别命名为 JSTY01~JSTY68(图 2)。各 PFGE 型别包含菌株数量为 1~12 株,其中包含 2 株以上菌株的型别有 17 个,

表 2 2012—2015 年江苏省伤寒和甲型副伤寒沙门菌耐药率随时间变化情况

抗生素	2012 年		2013 年		2014 年		2015 年	
	伤寒 (n=40)	甲型副伤寒 (n=0)	伤寒 (n=26)	甲型副伤寒 (n=8)	伤寒 (n=23)	甲型副伤寒 (n=5)	伤寒 (n=27)	甲型副伤寒 (n=2)
AMP	1(2.5)	-	3(11.5)	0(0.0)	2(8.7)	1(20.0)	3(11.1)	1(50.0)
AMC	1(2.5)	-	2(7.7)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)
CFT	0(0.0)	-	3(11.5)	0(0.0)	1(4.3)	1(20.0)	0(0.0)	0(0.0)
CTX	1(2.5)	-	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)
GEN	0(0.0)	-	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)
NAL	32(80.0)	-	16(61.5)	7(87.5)	12(52.2)	4(80.0)	11(40.7)	2(100.0)
CIP	0(0.0)	-	0(0.0)	0(0.0)	1(4.3)	1(20.0)	2(7.4)	2(100.0)
TBT	0(0.0)	-	1(3.8)	0(0.0)	1(4.3)	1(20.0)	0(0.0)	1(50.0)
SMZ	7(17.5)	-	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)	1(3.7)	1(50.0)

注:括号外数据为耐药菌株数,括号内数据为耐药率(%);AMP:氨苄西林;AMC:阿莫西林/克拉维酸;CFT:头孢噻吩;CTX:头孢噻肟;GEN:庆大霉素;NAL:萘啶酸;CIP:环丙沙星;TBT:四环素;SMZ:复方新诺明



图 1 2012—2015 年江苏省 15 株甲型副伤寒沙门菌 PFGE 聚类分析

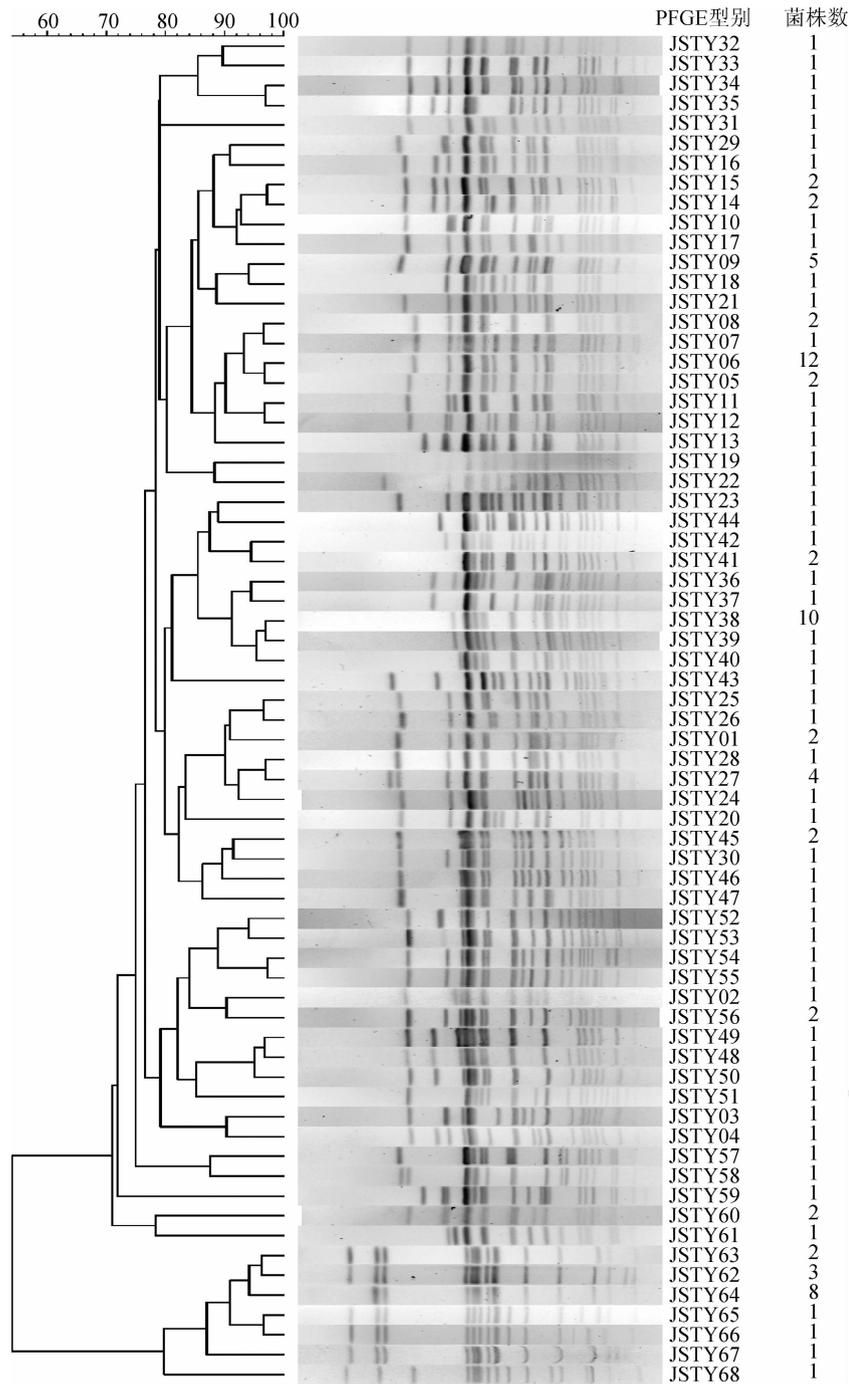


图2 2012—2015年江苏省68种不同PFGE型别的伤寒沙门菌聚类分析

优势型别为JSTY06(12株),其次为JSTY38(10株)和JSTY64(8株)。同一个耐药谱可对应不同的PFGE型别,如耐AMP-CFT-NAL-TBT的2株伤寒菌分别属于JSTY62和JSTY67两种型别;而同一种PFGE型别中也包含不同的耐药型别,如JSTY06型包含的耐药谱有耐NAL,耐NAL-CIP和全敏感3种。JSTY64型别较为特殊,它包含的8株伤寒菌来自苏州、南通和泰州3个不同的城市,其耐药谱相同(耐NAL),分离时间集中(2012年2—8月),其他年

代均未检出该型别的菌株。
讨 论
近几年江苏省伤寒/副伤寒的流行以随机散发为主,局部地区时有暴发疫情发生,随着防控手段加强和卫生水平提高,伤寒/副伤寒的发病率总体呈现下降趋势。虽然临近省份报道伤寒/副伤寒的优势病原菌已经由伤寒沙门菌转变为甲型副伤寒沙门菌^[7],但在江苏省尚未发现相同趋势,2012—2015年江苏省分离的菌株中伤寒沙门菌仍居绝对优势地位。
江苏省的伤寒/副伤寒耐药情况与其他省份不尽相同^[8],菌株总体耐药水平不但没有增加反而呈现逐年下降趋势,如伤寒沙门菌对NAL的耐药率由2012年的80.0%下降至2015年的40.7%。喹诺酮类药物是治疗伤寒/副伤寒的一线药物,NAL又是第一代喹诺酮类抗生素,它的耐药性降低可能与近几年医疗系统的抗生素规范化治疗有关,临床医生作为合理用药的第一关口,能够科学有效地遏制耐药菌株增加和扩散。但同时江苏省的副伤寒菌株也存在多重耐药种类增长的情况,集中体现在2015年出现了5重甚至6重耐药菌。随着抗生素在临床中的广泛应用,伤寒/副伤寒沙门菌对抗生素的敏感性逐渐降低,多重耐药菌株显著增多^[9]。赵嘉咏等^[10]发现甲型副伤寒沙门菌的多重耐药株对头孢类、喹诺酮类和氨基糖苷类抗生素随年份上升,最多出现了耐12种抗生素的菌株。而江苏省甲型副伤寒多重耐药株的耐药谱为耐AMP-NAL-CIP-TBT-SMZ和耐AMP-CFT-NAL-TBT,主要涉及β-内酰胺类抗生素、喹诺酮类抗生素、四环素类抗生素等,结合PFGE分型分析,这两株多重耐药株与其他菌株的相似性较低,因此同一谱系多重耐药性垂直传递的可能性较小,更重要的应该源于不同

种属间的水平转移和抗生素滥用带来的高选择性压力。

本研究利用 PFGE 方法分别分析了 2012—2015 年江苏省伤寒和甲型副伤寒沙门菌的分子特征和菌株同源性,显示两种血清型的分型结果有所不同。伤寒沙门菌菌型复杂分散,变异度较高,PFGE 型别和耐药谱间无明显对应关系;而甲型副伤寒沙门菌菌型较为集中,大部分菌型间的相似度较高,同一 PFGE 型别的菌株耐药谱一致。同样的菌型差异在我国其他省份也有发现^[11]。有研究显示亚洲地区的甲型副伤寒沙门菌起源于有限的几个克隆,而且不同流行地区的型别具有特异性,这可能是江苏省甲型副伤寒菌型同源性高的主要原因^[12]。值得一提的是,南京市分离的甲型副伤寒数目最多,均为 2013 年分离得到,多数为同一 PFGE 型同一耐药谱,提示该地区当年可能存在这一型别的潜在流行。在伤寒沙门菌的聚类分析中也存在相似情况,JSTY64 型别的 8 株菌耐药谱一致,病例出现时间相对集中,分离地点均为江苏省东南部苏州、南通和泰州市。因为本研究是回顾性分析,无法进行及时确切的病例调查,确定不同病例间的流行病学相关性,所以只能从分子分型的角度指导加强对疫情高发地区及周边区域的监测,及时发现流行株和多重耐药株的扩散传播,防止伤寒/副伤寒疫情的发生。

志谢 感谢江苏省各地级市 CDC 的大力支持和帮助

利益冲突 无

参 考 文 献

[1] Steele AD, Hay Burgess DC, Diaz Z, et al. Challenges and opportunities for typhoid fever control: a call for coordinated action[J]. Clin Infect Dis, 2016, 62 Suppl 1: S4-8. DOI: 10.1093/cid/civ976.

[2] 孙军玲,张静,马会来,等. 2012 年全国和高发省份伤寒、副伤寒流行特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2013, 34(12): 1183-1188. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.12.007.

Sun JL, Zhang J, Ma HL, et al. Epidemiological features of typhoid/paratyphoid fever in provinces with high incidence rate and in the whole country, in 2012[J]. Chin J Epidemiol, 2013, 34(12): 1183-1188. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.12.

007.

[3] 卫生部疾病预防控制局,中国疾病预防控制中心. 伤寒、副伤寒防治手册[M]. 2 版. 北京:人民卫生出版社,2006:55-66.

Division of Disease Control, Ministry of Health of the People's Republic of China, Chinese Center for Disease Control and Prevention. Typhoid, paratyphoid prevention handbook [M]. 2nd ed. Beijing: People's Medical Publishing House, 2006:55-66.

[4] 朱超,许学斌. 沙门菌属血清型诊断[M]. 上海:同济大学出版社,2009:145-288.

Zhu C, Xu XB. Serological diagnosis of Salmonella-species [M]. Shanghai: Tongji University Press, 2009: 145-288.

[5] CLSI. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; twenty-fifth informational supplement [R]. CLSI document M100-S25. Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute, 2015.

[6] Ribot EM, Fair MA, Gautom R, et al. Standardization of pulsed-field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157: H7, *Salmonella*, and *Shigella* for PulseNet [J]. Foodborne Pathog Dis, 2006, 3(1): 59-67. DOI: 10.1089/fpd.2006.3.59.

[7] 罗芸,叶菊莲,徐宝祥,等. 浙江省伤寒副伤寒沙门菌耐药及分子分型[J]. 中国公共卫生, 2010, 26(3): 328-330.

Luo Y, Ye JL, Xu BX, et al. Antibiotic resistance and molecular types of *Salmonella* isolated in Zhejiang province [J]. Chin J Public Health, 2010, 26(3): 328-330.

[8] 赵嘉咏,谢志强,穆玉姣,等. 河南省 2009—2011 年伤寒副伤寒沙门菌分子分型与耐药研究[J]. 中华流行病学杂志, 2016, 37(1): 111-114. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.01.024.

Zhao JY, Xie ZQ, Mu YJ, et al. Characteristics of drug resistance and molecular type of *Salmonella typhi* and *Salmonella paratyphi* isolated in Henan province, 2009-2011 [J]. Chin J Epidemiol, 2016, 37(1): 111-114. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.01.024.

[9] Feasey NA, Gaskell K, Wong V, et al. Rapid emergence of multidrug resistant, H58-lineage *Salmonella typhi* in Blantyre, Malawi [J]. PLoS Negl Trop Dis, 2015, 9(4): e0003748. DOI: 10.1371/journal.pntd.0003748.

[10] 赵嘉咏,张胜勇,穆玉姣,等. 河南省登封市 2009—2015 年甲型副伤寒沙门菌耐药性及 PFGE 分型研究[J]. 中华流行病学杂志, 2016, 37(5): 714-717. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.05.026.

Zhao JY, Zhang SY, Mu YJ, et al. Drug tolerance and PFGE molecular typing of *Salmonella paratyphi* A isolated in Dengfeng, Henan province, 2009-2015 [J]. Chin J Epidemiol, 2016, 37(5): 714-717. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.05.026.

[11] 汪皓秋,潘劲草,葛玉梅,等. 杭州地区伤寒及甲型副伤寒沙门菌流行菌株分子特征的研究[J]. 中华微生物学和免疫学杂志, 2012, 32(8): 711-715. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-5101.2012.08.009.

Wang HQ, Pan JC, Ge YM, et al. Molecular characteristics of *Salmonella typhi* and *Salmonella paratyphi* A isolates in Hangzhou area [J]. Chin J Microbiol Immunol, 2012, 32(8): 711-715. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-5101.2012.08.009.

[12] Goh YL, Puthuchery SD, Chaudhry R, et al. Genetic diversity of *Salmonella enterica* serovar Paratyphi A from different geographical regions in Asia [J]. J Appl Microbiol, 2002, 92(6): 1167-1171. DOI: 10.1046/j.1365-2672.2002.01655.x.

(收稿日期:2017-04-06)
(本文编辑:万玉立)

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)		