

# 浙江省腹泻患者致泻性大肠埃希菌血清型分布及其鉴定效率的评价

余斐 王若南 陈晓 郑书发 王忆吟 陈瑜

310003 杭州, 浙江大学医学院附属第一医院检验科浙江省临床体外诊断技术研究重点实验室(余斐、王若南、陈晓、郑书发、王忆吟、陈瑜); 310003 杭州, 浙江大学医学院第一附属医院传染病诊治国家重点实验室 感染性疾病诊治协同创新中心(陈晓、郑书发、陈瑜)

通信作者: 陈瑜, Email: chenyyu@sina.com

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2017.06.022

**【摘要】** 目的 了解浙江省致泻性大肠埃希菌(DEC)血清型分布并探讨其血清学鉴定分类方法的鉴定效率。方法 对2009年7月至2013年6月浙江省腹泻症候群病原谱监测网络菌株库中的696株DEC菌株(通过毒力基因鉴定)开展血清学凝集试验,比较毒力基因和血清学鉴定分类的结果。结果 696株DEC中288株(41.4%)能明确O抗原型别,分属于35种O血清群。171株(24.6%)H血清凝集,分属于21种H型。肠集聚性大肠埃希菌(EAEC)、产肠毒素性大肠埃希菌(ETEC)、肠致病性大肠埃希菌(EPEC)和肠出血性大肠埃希菌(EHEC)凝集率分别为31.9%(130/408)、70.6%(127/180)、31.5%(29/92)和14.3%(2/14),分属于30、18和15种O血清群,1株EHEC为O157:H7。EAEC和EPEC血清群相对较多样化,而ETEC则相对集中,不同类型DEC可具有同一血清群/型。根据血清学结果可分类的75株DEC中,42株毒力基因和血清学分类结果一致,33株不一致。结论 浙江省DEC血清群/型种类多样,单纯采用血清学筛查可造成极大的漏检或误分,建议采用毒力基因鉴定分类。

**【关键词】** 致泻性大肠埃希菌; 毒力基因; 血清型

**基金项目:** 国家科技重大专项(2012ZX10004-210)

**Studies on the serum types and identification efficiency on Diarrheagenic *Escherichia coli* isolated from diarrhea patients, in Zhejiang province** Yu Fei, Wang Ruonan, Chen Xiao, Zheng Shufa, Wang Yiyin, Chen Yu

Key Laboratory of Clinical in Vitro Diagnostic Techniques of Zhejiang Province, Department of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University, Hangzhou 310003, China (Yu F, Wang RN, Chen X, Zheng SF, Wang YY, Chen Y); State Key Laboratory for Diagnosis and Treatment of Infectious Diseases, Collaborative Innovation Center for Diagnosis and Treatment of Infectious Diseases, First Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University, Hangzhou 310003, China (Chen X, Zheng SF, Chen Y)

Corresponding author: Chen Yu, Email: chenyyu@sina.com

**【Abstract】 Objective** To investigate the serotypes of Diarrheagenic *Escherichia coli* (DEC) isolated from diarrheal patients in Zhejiang province and to explore the identification efficiency of serological screening methods. **Methods** Serological agglutination tests were carried out in 696 strains of DEC (through the identification of virulence genes) which were selected from the Infectious Diarrhea Pathogen Monitoring Network Strain Bank of Zhejiang province, from July 2009 to June 2013. Results of virulence genes, serological identification and classification were compared. **Results** Among the 696 isolates of DEC, O antigen type was identified in 288 (41.4%) isolates which belonging to 35 different 'O' serum types. H antigen was seen in 171 (24.6%) isolates and determined as having 21 types. The agglutination rates of EAEC, ETEC, EPEC and EHEC isolates were 31.9% (130/408), 70.6% (127/180), 31.5% (29/92) and 14.3% (2/14), respectively and belonged to 30, 18, 15 kinds of 'O' sero-groups, respectively. One EHEC isolate was identified as O157:H7. Serum groups were diverse for EAEC and EPEC, while relatively concentrated on ETEC. Different types of DEC might belong to the same sero-group or type. Among the 74 strains of DEC available for classification serologically, 41

isolates were in consistent with virulence gene identification and another 33 strains were not.

**Conclusions** The sero-group/type of DEC strains in Zhejiang were varied. Based on the serological screening method alone, DEC classification might end in getting the wrong answer, thus we would recommend the use of virulence gene for the purpose of identification.

**【Key words】** Diarrheagenic *Escherichia coli*; Virulence gene; O/H serotypes

**Fund program:** National Science and Technology Major Project (2012ZX10004-210)

致泻性大肠埃希菌(DEC)目前仍是导致感染性腹泻的主要病原<sup>[1]</sup>,依其毒力因子、致病机制及遗传学特性主要分为肠致病性大肠埃希菌(EPEC)、肠出血性大肠埃希菌(EHEC,或产志贺毒素大肠埃希菌,STEC)、产肠毒素性大肠埃希菌(ETEC)、肠侵袭性大肠埃希菌(EIEC)和肠集聚性大肠埃希菌(EAEC)<sup>[1-2]</sup>。由于DEC的鉴定方法比较复杂,一般常见的方法包括毒力基因鉴定和血清学分型,但全套鉴定血清非常昂贵,且目前缺乏较为全面的血清型数据,而已有的数据表明部分DEC菌株无法采用血清学分型,两种方法分型结果常常不一致<sup>[3-4]</sup>,为此本研究依托浙江省腹泻症候群病原谱监测网络的菌株库,对2009年7月至2013年6月4年间DEC菌株开展血清学分析,探索血清分型方法的鉴定效率,以期DEC的鉴定和防控提供借鉴。

## 材料与方法

1. 菌株:来自2009年7月至2013年6月浙江省腹泻症候群病原谱监测网络菌株库中的696株DEC菌株(分离自3 712例门诊腹泻患者的粪便标本),其中分离自杭州地区389株(55.9%),其余地区307株(44.1%)。按分离时间计,3—5月72株(10.3%)、6—8月454株(65.2%)、9—11月101株(14.5%)、12月至翌年2月69株(9.9%)。有161株DEC菌株(23.1%)源于≤18岁患者,395株(56.8%)源自19~59岁患者,140株(20.1%)来源于≥60岁患者;364株(52.3%)源于男性,332株(47.7%)源于女性。

### 2. 实验方法:

(1)毒力基因鉴定:粪便标本按照常规微生物培养的方法接种,从每个MAC平板上分别挑取5个乳糖发酵的可疑大肠埃希菌菌落,分别保存于半固体菌种管,每月定期转种于血平板,37℃培养16~20 h,刮取第一区细菌采用煮沸法提取DNA,多重PCR筛查DEC,对毒力基因阳性的样本采用相应的引物进行单重PCR复核。目的基因包括*escV*、*bfpB*、*stx1*、*stx2*、*elt*、*estIa*、*estIb*、*invE*、*astA*、*aggR*和*pic*,引物序列、扩增体系、扩增参数和结果判读参照文献<sup>[5]</sup>。引物合成和PCR产物测序均由上海生工生物工程技术有限公司完成,PCR试剂购于TaKaRa公司。

(2)血清型鉴定:挑取菌种,血平板分离,(36±1)℃培养过夜,采用DEC常见的O多价、O单价、H诊断血清进行血清凝集试验,操作严格按照说明书进行。O和H诊断血清包括O群血清78种,H群血清22种,其中O血清为O1、O26、O86a、O111、O119、O127a、O128、O44、O55、O125、O126、O146、O166、O18、O114、O142、O151、O157、O158、O6、O27、O78、O148、O159、O168、O20、O25、O63、O153、O167、O8、O15、O115、O169、O28ac、O112ac、O124、O136、O144、O29、O143、O152、O164、O74、O91、O103、O121、O145、O161、O165、O2、O45、O7、O9、O14、O16、O21、O51、O66、O71、O73、O75、O76、O77、O80、O83、O85、O88、O101、O104、O113、O118、O123、O129、O137、O139、O149、O175;H血清为H2、H4、H5、H6、H7、H9、H10、H11、H12、H16、H18、H19、H20、H21、H27、H28、H34、H40、H41、H42、H45、H51。诊断血清购于日本生研株式会社(前50种O血清和全部H血清)和丹麦血清研究所(后28种O血清)。部分菌株在生理盐水中自凝,以“O rough”表示。“O”或“H”表示菌株对全部O血清或H血清未凝集。

3. 统计学分析:采用Excel 2007软件进行数据整理和分析,依据《感染性腹泻诊断标准》(WS 271-2007)中DEC血清学鉴定分类方法<sup>[2]</sup>,对毒力基因和血清学分类的结果进行比较。

## 结 果

1. 毒力基因分布:根据毒力基因鉴定分类方法,696株DEC中EAEC 408株(58.6%),ETEC 180株(25.9%),EPEC 92株(13.2%),EHEC 14株(2.0%),EIEC 1株(0.3%),另有1株同时携带EAEC和ETEC的毒力基因。EAEC菌株的毒力基因*astA*、*aggR*和*pic*均可单独或全部存在,也可两两组合,其中84.6%的EAEC携带*astA*。78.6%的EHEC携带*stx2*,21.4%携带*stx1*,57.1%的EHEC携带*escV*(LEE毒力岛),未发现同时携带*stx1*和*stx2*的菌株(表1)。

2. 血清群和型分布:所有DEC中有288株(41.4%)能明确O抗原型别,另有16株自凝(O rough),分属于35种O血清群。171株(24.6%)H

表1 浙江省696株DEC毒力基因和血清型分布

菌株 <sup>a</sup>	菌株数 (构成比,%)	毒力基因(株数)	血清型(株数)
EAEC	408(58.6)	<i>astA</i> (291)、 <i>astA + pic</i> (31)、 <i>aggR + pic</i> (27)、 <i>aggR</i> (27)、 <i>astA + aggR + pic</i> (15)、 <i>pic</i> (9)、 <i>astA + aggR</i> (8)	O45 : H(13)、O15 : H (11)、O6 : H (11)、O : H41 (8)、O1 : H (6)、O25 : H (6)、O : H18 (6)、O148 : H (5)、O166 : H (5)、O169 : H (5)、O : H10 (5)、O15 : H18 (4)、O6 : H16 (4)、O8 : H (4)、O : H27 (4)、O153 : H (3)、O159 : H (3)、O : H11 (3)、O : H4 (3)、O18 : H (2)、O28ac : H (2)、O104 : H4 (2)、O125 : H21 (2)、O125 : H (2)、O126 : H (2)、O128 : H (2)、O18 : H (2)、O6 : H10 (2)、O78 : H (2)、O86a : H34 (2)、O : H28 (2)、O : H51 (2)、O : H6 (2)、O1 : H10 (1)、O1 : H42 (1)、O103 : H2 (1)、O111 : H (1)、O114 : H (1)、O127a : H6 (1)、O15 : H10 (1)、O153 : H45 (1)、O157 : H42 (1)、O157 : H (1)、O159 : H (1)、O166 : H27 (1)、O19 : H41 (1)、O20 : H (1)、O25 : H42 (1)、O29 : H (1)、O44 : H (1)、O45 : H16 (1)、O45 : H2 (1)、O55 : H(1)、O78 : H12 (1)、O8 : H16 (1)、O8 : H9 (1)、O86a : H16 (1)、O86a : H18 (1)、O86a : H (1)、O91 : H28(1)、O91 : H (1)、O : H16 (1)、O : H19 (1)、O : H2 (1)、O : H21 (1)、O : H34 (1)、O : H40 (1)、O : H45 (1)、O rough (9)、O : H (227)
ETEC	180(25.9)	<i>estIb + estIa</i> (120)、 <i>elt</i> (28)、 <i>estIb</i> (14)、 <i>elt + estIb + estIa</i> (6)、 <i>elt + estIb</i> (6)、 <i>elt + estIa</i> (3)、 <i>estIa</i> (3)	O159 : H34 (20)、O6 : H16 (17)、O159 : H (15)、O148 : H (14)、O25 : H (11)、O148 : H28 (9)、O6 : H (8)、O169 : H (5)、O15 : H18 (2)、O15 : H (2)、O153 : H12 (2)、O159 : H16 (2)、O159 : H7 (2)、O25 : H42 (2)、O27 : H7 (2)、O45 : H (2)、O : H18 (2)、O126 : H9 (1)、O128 : H (1)、O153 : H (1)、O157 : H34 (1)、O166 : H (1)、O166 : H34 (1)、O169 : H41 (1)、O20 : H19 (1)、O28ac : H (1)、O83 : H (1)、O88 : H (1)、O91 : H21 (1)、O : H16 (1)、O : H28 (1)、O : H34 (1)、O : H4 (1)、O : H41 (1)、O rough (5)、O : H (41)
EPEC	92(13.2)	<i>escV</i> (90)、 <i>escV + bfpB</i> (2)	O45 : H (6)、O1 : H (4)、O : H41 (3)、O : H6 (3)、O18 : H (2)、O25 : H (2)、O : H16 (2)、O : H7 (2)、O1 : H28 (1)、O124 : H (1)、O125 : H21 (1)、O126 : H28 (1)、O15 : H (1)、O153 : H (1)、O157 : H16 (1)、O166 : H (1)、O44 : H18 (1)、O44 : H34 (1)、O45 : H19 (1)、O45 : H2 (1)、O6 : H (1)、O63 : H51 (1)、O86a : H34 (1)、O : H28 (1)、O : H34 (1)、O : H51 (1)、O rough (2)、O : H (48)
EHEC	14(2.0)	<i>stx2 + escV</i> (6)、 <i>stx2</i> (5)、 <i>stx1 + escV</i> (2)、 <i>stx1</i> (1)	O157 : H7 (1)、O1 : H (1)、O : H (12)
EIEC	1(0.1)	<i>invE</i> (1)	O : H (1)
EAEC/EPEC	1(0.1)	<i>astA + aggR + elt</i> (1)	O : H (1)

注: EPEC为肠致病性大肠埃希菌, EHEC为肠出血性大肠埃希菌, ETEC为产肠毒素性大肠埃希菌, EIEC为肠侵袭性大肠埃希菌, EAEC为肠集聚性大肠埃希菌; <sup>a</sup>通过毒力基因鉴定分型, 该菌株同时携带EAEC和ETEC的毒力基因, 记为EAEC/EPEC

血清凝集(其中62株O血清未凝集), 分属于21种H型, 其余菌株O血清和H血清均未发生凝集。居首位的血清型为O6 : H16(21株, 其中4株为EAEC, 17株为ETEC)和O159 : H34(20株, 全部为ETEC)。常见O血清群为O159(43株, 6.2%)、O6(43株, 6.2%)、O148(28株, 4.0%)、O45(25株, 3.6%)、O25(22株, 3.2%)和O15(21株, 3.0%); H血清群常见的为H16(31株, 4.5%)、H34(25株, 3.6%)、H18(16株, 2.3%)、H2(16株, 2.3%)和H41(14株, 2.0%)。

EAEC O血清凝集率为31.9%(130/408), 分属于30种O血清群, 其中36.9%集中在O6(17)、O15(16)和O45(15); ETEC凝集率为70.6%(127/180), 分属于18种O血清群, 其中75.8%集中在O159(39)、O6(25)、O148(23)和O25(13); EPEC凝集率为31.5%(29/92), 分属于15种O血清群, 其中O45和O1分别有8株和5株; 14株EHEC中仅2株凝集, 1株为O157 : H7, 另1株为O1群(表1, 2)。

3. 毒力基因鉴定和血清学分类结果的比较: 根据《感染性腹泻诊断标准》(标准)中的血清学分类方法, 本研究仅能对75株(10.7%, 75/696)DEC分类, 其中ETEC 40株、EAEC 28株、EPEC 6株和EHEC

1株。75株中有42株(56.0%)经毒力基因检测方法分类结果和血清学分类结果一致, 33株(44.0%)不一致(表2)。其中可分类的40株ETEC中有36株血清学分类仍为ETEC(O159 : H34、O148 : H28、O169 : H和O27 : H7)。33株不一致的菌株中有29株毒力基因鉴定为EAEC, 4株为ETEC, 但血清学分类多为EPEC(图1)。

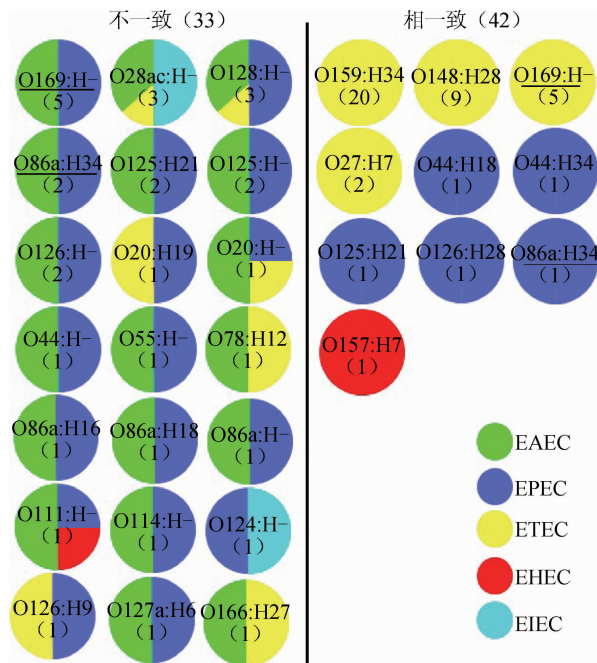
## 讨 论

目前临床实验室针对腹泻患者一般仅开展霍乱弧菌、沙门菌和志贺菌病原学筛查, 少数实验室开展副溶血弧菌和大肠埃希菌O157 : H7的鉴定, 但未对DEC其他型别开展筛查。实际上, DEC引发的肠道感染在肠道病原谱中构成比超过了志贺菌和沙门菌, 成为婴幼儿和成年人腹泻重要致病菌<sup>[1, 6]</sup>。本课题组发现浙江地区门诊腹泻患者DEC的检出率为18.8%, 远远超过传统常规筛查的病原检出率, 其中以EAEC、ETEC和EIEC为主, EHEC和EIEC较少见。通过多重PCR方法检测DEC的毒力基因进行分类, 是目前病原监测实验室常用方法<sup>[3-4, 6]</sup>, 具有灵敏、简便、成本较低等特点。

表2 浙江省696株DEC血清学凝集率和血清学鉴定分类

分类	株数	O血清凝集株数(率, %)	H血清凝集株数(率, %)	血清学鉴定株数(率, %)	分类不一致株数(构成比, %)	分类一致株数(构成比, %)
EAEC	408	130(31.9)	76(18.6)	28(6.9)	28(100.0)	0(0.0)
ETEC	180	127(70.6)	71(39.4)	40(22.2)	4(10.0)	36(90.0)
EPEC	92	29(31.5)	23(25.0)	6(6.5)	1(16.7)	5(83.3)
EHEC	14	2(14.3)	1(7.1)	1(7.1)	0(0.0)	1(100.0)
EIEC	1	0(0.0)	0(0.0)	-	-	-
EAEC/ETEC	1	0(0.0)	0(0.0)	-	-	-
合计	696	288(41.4)	171(24.6)	75(10.7)	33(44.0)	42(56.0)

注: EPEC为肠致病性大肠埃希菌, EHEC为肠出血性大肠埃希菌, ETEC为产肠毒素性大肠埃希菌, EIEC为肠侵袭性大肠埃希菌, EAEC为肠集聚性大肠埃希菌



注: EPEC为肠致病性大肠埃希菌, EHEC为肠出血性大肠埃希菌, ETEC为产肠毒素性大肠埃希菌, EIEC为肠侵袭性大肠埃希菌, EAEC为肠集聚性大肠埃希菌;图中每一个圆代表1种血清型(下划线表示该血清型均有不一致区和相一致区),括号内数据为菌株数;左半圆表示毒力基因鉴定结果,右半圆表示血清群/型鉴定结果,颜色相同代表两种鉴定方式相一致,反之则不一致;3株O28ac:H根据毒力基因分类,2株为EAEC,1株为ETEC,3株为O128:H;O20:H根据血清学鉴定依据可分为EPEC或ETEC

图1 75株可通过血清学分类的DEC血清型分布

及时了解各类DEC的血清型分布特征,特别是地区流行的主要优势型别,是传染病预防控制的重要内容。浙江地区DEC的血清群以O159、O6、O148、O45、O25和O15较常见,而泰国以O15、O25、O86a和O126为主,我国台湾地区常见的血清群为O1、O8、O15、O25和O44<sup>[7-8]</sup>。本研究发现EAEC和EPEC的O血清群相对较多样化,而ETEC则相对集中。不同类型DEC可具有同一血清群/型,O125:H21、O15:H18、O25:H42、O45:H2、O6:H16和O86a:H34均在两类DEC中出现,若以O血清群计,

交叉现象则更显著。

依据标准,DEC的鉴定分类的步骤包括:取新鲜粪便标本接种选择培养基培养,再从平板上挑取可疑菌落作革兰染色镜检、生化试验并开展血清凝集以初步鉴定,然后根据不同DEC类别开展毒素测定、细胞黏附试验或者毒力基因等检测<sup>[2]</sup>。由于标准中只有部分优势血清群/型可作为筛查依据,同时多价血清覆盖范围较窄、全套血清昂贵并难以获得,这种依赖血清凝集的鉴定方式繁琐且低效,漏检率极高,但这种诊断方法目前仍被推荐并采用。本研究仅41.4%的DEC能明确O抗原型别,24.6%能明确H抗原型别。EAEC、ETEC、EPEC的O血清凝集率分别为31.9%、70.6%和31.5%,14株EHEC中仅2株凝集,1株为O157:H7。曲梅等<sup>[3]</sup>对北京地区262株DEC研究发现仅有19株能明确O抗原型别;深圳市74株DEC中有63.5%能明确O抗原型别<sup>[4]</sup>;高翔等<sup>[9]</sup>也发现24株EPEC中仅2株能被诊断血清凝集。本研究中696株经毒力基因检测方法鉴定为DEC菌株进行血清学分析,仅75株能被分类,其中33株毒力基因和血清学分类不一致。这些研究结果反映了各类DEC的优势血清群/型可能发生改变,或者有更多的血清群/型类别的菌株存在,因此单纯通过血清学筛查DEC,会造成极大的漏检或误分。

本研究存在缺陷。尽管研究中采用的常见DEC诊断血清种类相对较多,但还不够全面,这在一定程度上影响了血清凝集率;另外,按照总课题推荐方法,对分离的大肠埃希菌直接进行毒力基因筛查,再对阳性菌株进行血清学分析,未同时依据标准直接采用多价血清开展初步鉴定,因此对血清学鉴定效率的判定存在一定局限。

综上所述,研究提示浙江地区DEC血清群/型种类多样,单纯通过血清学筛查DEC会造成极大的漏检或误分,建议采用分子生物学方法鉴定毒力基因的方式鉴定DEC,必要时进行血清学调查。

利益冲突 无

参 考 文 献

[1] Croxen MA, Law RJ, Scholz R, et al. Recent advances in understanding enteric pathogenic *Escherichia coli* [J]. Clin Microbiol Rev, 2015, 26 (4) : 822-880. DOI: 10.1128/CMR.00022-13.

[2] 中华人民共和国卫生部. WS 271-2007 感染性腹泻诊断标准[S]. 北京:人民卫生出版社,2007.  
The Ministry of Health of the People's Republic of China. WS 271-2007 Diagnostic criteria for infections diarrhea[S]. Beijing: People's Medical Publishing House,2007.

[3] 曲梅,张新,钱海坤,等. 北京地区腹泻病患者致泻性大肠埃希菌感染类型及其流行特征[J]. 中华流行病学杂志, 2014, 35 (10) : 1123-1126. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.10.010.  
Qu M, Zhang X, Qian HK, et al. Study on the genotype and epidemic characteristics of diarrheagenic *Escherichia coli* isolated from diarrheal patients in Beijing[J]. Chin J Epidemiol, 2014, 35 (10):1123-1126. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.10.010.

[4] 李迎慧,邱亚群,沈慧霞,等. 深圳市腹泻人群致泻性大肠埃希菌流行及病原特征研究[J]. 中华流行病学杂志, 2016, 37(1) : 115-118. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.01.025.  
Li YH, Qiu YQ, Xian HX, et al. Epidemiologic and etiologic characteristics of diarrheagenic *Escherichia coli* infection in population in Shenzhen [J]. Chin J Epidemiol, 2016, 37 (1) : 115-118. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.01.025.

[5] Müller D, Greune L, Heusipp G, et al. Identification of unconventional intestinal pathogenic *Escherichia coli* isolates expressing intermediate virulence factor profiles by using a novel single-step multiplex PCR [J]. Appl Environ Microbiol, 2007, 73 (10) : 3380-3390. DOI: 10.1128/AEM.02855-06.

[6] 黄峥,许浩,郭家胤,等. 4种致泻性大肠埃希菌分子诊断方法的评估及其在监测中的应用[J]. 中华流行病学杂志, 2013, 34(6) : 614-617. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.06.018.  
Huang Z, Xu H, Guo JY, et al. Assessment and application of a molecular diagnostic method on the detection of four types of diarrheagenic *Escherichia coli* [J]. Chin J Epidemiol, 2013, 34 (6) : 614-617. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.06.018.

[7] Ratchtrachenchai OA, Subpasu S, Hayashi H, et al. Prevalence of childhood diarrhoea-associated *Escherichia coli* in Thailand [J]. J Med Microbiol, 2004, 53 (Pt 3) : 237-243. DOI: 10.1099/jmm.0.05413-0.

[8] Yang JR, Wu FT, Tsai JL, et al. Comparison between O serotyping method and multiplex real-time PCR to identify diarrheagenic *Escherichia coli* in Taiwan [J]. J Clin Microbiol, 2007, 45 (11) : 3620-3625. DOI: 10.1128/JCM.00596-07.

[9] 高翔,赵红庆,甄博琨,等. 北京地区腹泻就诊患者中肠致病性大肠埃希菌分离株特征分析[J]. 疾病监测, 2013, 28(5) : 347-350. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2013.5.005.  
Gao X, Zhao HQ, Zhen BJ, et al. Characteristics of enteropathogenic *Escherichia coli* isolated from diarrheal patients in Beijing [J]. Dis Surveill, 2013, 28(5) : 347-350. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2013.5.005.

(收稿日期:2016-10-24)

(本文编辑:张林东)

# 中华预防医学会流行病学分会第七届委员会名单

(按姓氏笔画排序)



- |       |          |         |           |          |          |           |
|-------|----------|---------|-----------|----------|----------|-----------|
| 主任委员  | 李立明(北京)  |         |           |          |          |           |
| 副主任委员 | 刘天锡(宁夏)  | 杨维中(北京) | 吴凡(上海)    | 何耀(北京)   | 汪华(江苏)   | 胡永华(北京)   |
|       | 姜庆五(上海)  | 詹思延(北京) |           |          |          |           |
| 常务委员  | 王岚(北京)   | 叶冬青(安徽) | 余宏杰(北京)   | 汪宁(北京)   | 沈洪兵(江苏)  | 陆林(云南)    |
|       | 陈坤(浙江)   | 周晓农(上海) | 赵根明(上海)   | 段广才(河南)  | 贺雄(北京)   | 唐金陵(中国香港) |
|       | 曹务春(北京)  | 崔萱林(北京) |           |          |          |           |
| 委员    | 于雅琴(吉林)  | 么鸿雁(北京) | 王岚(北京)    | 王蓓(江苏)   | 王开利(黑龙江) | 王文瑞(内蒙古)  |
|       | 王定明(贵州)  | 王素萍(山西) | 王效俊(新疆)   | 仇小强(广西)  | 叶冬青(安徽)  | 冯子健(北京)   |
|       | 毕振强(山东)  | 吕筠(北京)  | 庄贵华(陕西)   | 刘天锡(宁夏)  | 刘殿武(河北)  | 闫永平(陕西)   |
|       | 许汴利(河南)  | 严延生(福建) | 杜建伟(海南)   | 李丽(宁夏)   | 李琦(河北)   | 李凡卡(新疆)   |
|       | 李申龙(北京)  | 李立明(北京) | 李亚斐(重庆)   | 李俊华(湖南)  | 李增德(北京)  | 杨维中(北京)   |
|       | 吴凡(上海)   | 吴先萍(四川) | 邱洪斌(黑龙江)  | 何耀(北京)   | 何剑峰(广东)  | 余宏杰(北京)   |
|       | 汪宁(北京)   | 汪华(江苏)  | 沈洪兵(江苏)   | 张晋(湖北)   | 张颖(天津)   | 陆林(云南)    |
|       | 陈坤(浙江)   | 陈可欣(天津) | 陈维清(广东)   | 岳建宁(青海)  | 周宝森(辽宁)  | 周晓农(上海)   |
|       | 单广良(北京)  | 孟蕾(甘肃)  | 项永兵(上海)   | 赵亚双(黑龙江) | 赵根明(上海)  | 胡东生(广东)   |
|       | 胡代玉(重庆)  | 胡永华(北京) | 胡志斌(江苏)   | 胡国良(江西)  | 段广才(河南)  | 俞敏(浙江)    |
|       | 施榕(上海)   | 施国庆(北京) | 姜晶(吉林)    | 姜庆五(上海)  | 贺雄(北京)   | 贾崇奇(山东)   |
|       | 夏洪波(黑龙江) | 栾荣生(四川) | 唐金陵(中国香港) | 曹广文(上海)  | 曹务春(北京)  | 崔萱林(北京)   |
|       | 董柏青(广西)  | 程锦泉(广东) | 詹思延(北京)   | 蔡琳(福建)   | 戴江红(新疆)  | 魏文强(北京)   |
| 秘书长   | 王岚(北京)   |         |           |          |          |           |
| 副秘书长  | 吕筠(北京)   |         |           |          |          |           |