

• 实验室研究 •

湖南省2018年登革热本地暴发流行病学和病毒分子特征分析

蔡亮¹ 张恒娇¹ 何方玲¹ 奉雅乐² 胡世雄¹ 王娟¹ 刘富强¹ 蒋永林³ 谭夏林³
潘海明² 唐宾彬² 杨浩¹ 龙浩宇¹ 湛志飞¹ 高立冬¹

¹湖南省疾病预防控制中心,湖南省微生物分子生物学重点实验室,长沙 410005; ²永州市祁阳县疾病预防控制中心,祁阳 426100; ³永州市疾病预防控制中心 425000

通信作者:高立冬, Email: gldlj@hotmail.com

【摘要】 目的 对湖南省2018年登革热本地暴发疫情进行流行病学及病原学特征研究。**方法** 对报告的8例疑似登革热病例进行实验室诊断,对病例密切接触者搜索出的186例疑似登革热病例和发热病例开展病原学监测,应用C6/36细胞对病例急性期血清开展病毒分离,对15株登革病毒株E基因测序,分析病毒的血清型别和基因亚型,构建系统发生树,分析可能的传播来源。在疫点开展蚊媒密度应急监测和健康人群回顾性血清流行病学调查。**结果** 8例疑似病例血清标本,6例登革病毒核酸阳性,4例登革病毒NS1抗原阳性。186例疑似登革热病例,96例病原学检测结果阳性,分离到登革病毒株64株,经鉴定全部为登革病毒2型全球型,来源于广东和浙江省的可能性较大。应急蚊媒密度监测,疫点布雷图指数最高达65,具有极高的登革热传播风险。回顾性调查377名健康人群进行登革热抗体水平监测,IgG抗体阳性率为0.53%(2/377)。**结论** 现场流行病学调查和分子遗传分析提示,湖南省2018年本地暴发疫情由输入性病例引起,由单一的登革病毒2型全球型引起。

【关键词】 登革热; 暴发流行; 病原学; 分子特征

基金项目: 国家科技重大专项(2018ZX10713002001003); 湖南省卫生健康委员会重点课题(A2011-006)

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200107-00018

Epidemiological and virus molecular characterization of dengue fever outbreak in Hunan province, 2018

Cai Liang¹, Zhang Hengjiao¹, He Fangling¹, Feng Yale², Hu Shixiong¹, Wang Juan¹, Liu Fuqiang¹, Jiang Yonglin³, Tan Xialin³, Pan Haiming², Tang Binbin², Yang Hao¹, Long Haoyu¹, Zhan Zhifei¹, Gao Lidong¹

¹Hunan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Key Laboratory of Microbial Molecular Biology of Hunan Province, Changsha 410005, China; ²Qiyang Country Center for Disease Control and Prevention of Yongzhou, Qiyang 426100, China; ³Yongzhou Prefectural Center for Disease Control and Prevention, Yongzhou 425000, China

Corresponding author: Gao Lidong, Email: gldlj@hotmail.com

【Abstract】 Objective To analyze the epidemiological and etiological characteristics of a dengue fever outbreak in Hunan province in 2018. **Methods** Real-time PCR assay was performed for the laboratory diagnosis of 8 suspected dengue fever cases. Etiological surveillance was performed in 186 suspected dengue fever cases and fever cases who had close contacts with dengue fever patients. C6/36 cells was used for the virus isolation from acute phase serum. By sequencing the full length of E genes of 15 dengue virus strains, phylogenetic analysis was performed based on the sequences obtained, including reference sequences from the NCBI GenBank database, the serotypes and gene subtypes of the virus were analyzed to trace the possible source of transmission. An emergency monitoring of vector density and a retrospective survey of sero-epidemiology in healthy population were conducted in the epidemic area. **Results** In the serum samples of 8 suspected patients, 6 were dengue virus RNA positive, and 4 were NS1 antigen positive. In 186 suspected patients, 96 were dengue virus nucleic acid, NS1 antigen or antibody positive in etiological test. A total of 64 dengue virus strains were isolated. The phylogenetic analysis showed that all the dengue virus strains belonged to type 2, which might be from Guangdong or Zhejiang provinces. The Bretub index was up to 65,

indicating an extremely high risk of transmission. The positive rate of the dengue virus IgG antibody was 0.53% (2/377) in retrospective survey of 377 healthy people. **Conclusion** The field epidemiologic and the molecular genetics analyses showed the outbreak of dengue fever in Hunan in 2018 was caused by imported cases and dengue virus 2.

[Key words] Dengue fever; Outbreak; Pathogen; Molecular characteristics

Fund programs: National Science and Technology Major Project of China (2018ZX10713002001003); Key Project of Health Commission of Hunan Province (A2011-006)

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200107-00018

登革热是由黄病毒科的登革病毒 1、2、3 和 4 型血清型引起的急性蚊媒传染病,主要通过埃及伊蚊和白纹伊蚊叮咬传播,是世界上分布广、发病率高、危害大的一种虫媒病毒感染性疾病^[1-3],据 WHO 统计,目前全球有 128 个国家或地区,约 39 亿人口处于登革热感染的风险,年发病数 3.9 亿人^[4]。人感染后可呈现无症状的隐性感染、登革热、登革出血热以及登革休克综合征^[5-6]。2018 年以前,湖南省的登革热疫情主要以散发的输入性病例为主。2018 年 9 月上旬,湖南省永州市祁阳县某医疗机构报告当地相继出现发热、乏力、白细胞减少、血小板减少症状患者,为核实引起疾病的原因,本研究对病例标本开展了血清学、病原学和分子生物学的检测,确定为登革病毒感染后,采取了及时有效的防控措施,加强了病例监测。

材料与方法

1. 细胞株与试剂: C6/36 细胞来源于中国 CDC 病毒病所脑炎室, MEM (Gibco, Carlsbad, USA), 小牛血清 (Gibco, Carlsbad, USA), 登革病毒 IgM、IgG 抗体检测试剂盒 (Capture ELISA, Panbio, Australian), NS1 抗原检测试剂盒 (胶体金法, Cortez, USA), 病毒核酸提取试剂盒 (磁珠法, 西安天隆科技有限公司), 登革病毒核酸检测试剂盒 (Real-time PCR 法, 硕世生物, 中国)。

2. 病例发现和病原学诊断: 2018 年 9 月 11 日, 湖南省永州市 CDC 接到冷水滩区 CDC 报告, 永州市中心医院集中收治了 9 例来自祁阳县龙山街道的不明原因发热、全身乏力等不适症状病例, 临床表现均有发热、白细胞和血小板减少, 其中 4 例有皮疹、7 例有胃肠道症状、2 例 ALT 轻度增高。冷水滩区 CDC 对其中 8 例病例开展流行病学调查和血液标本采集, 经市 CDC 送省 CDC 开展可疑病原体筛查, 省 CDC 应用 Real-time PCR 及血清学方法对 8 份病例标本开展肠道病毒、新型布尼亚病毒、汉坦病毒、登革病毒的核酸、抗原、抗体检测。

3. 病例搜索和实验室检测: 病例确诊后, 在祁阳

县宝塔街社区及周边社区开展疑似登革热病例搜索和调查, 重点采集近期有发热、头疼、眼眶疼、皮疹及出血症状的疑似病例以及与 8 例病例有密切接触的居民血清, 依据《登革热诊断标准》(WS 216-2008) 对标本开展登革病毒核酸、NS1 抗原及病毒分离。

4. RNA 提取、E 基因扩增与序列测定: 选取 15 株有代表性病例血清病毒分离培养物, 磁珠法提取病毒核酸, 应用 5' -GTGTCCCAGCCGGCGGTGTC ATCAGC-3' 作为反转录引物构建病毒 cDNA 文库, 应用登革热 2 型特异性引物扩增病毒 E 基因, 对扩增产物应用 BigDye™ Terminator 3.1 Ready Reaction Mix 进行扩增和序列测定 (3730 序列分析仪)。

5. 序列比对和进化分析: 应用 PubMed-Entrez Search 从 GenBank、EMBL 数据库中检索登革热 2 型 E 基因序列, 下载 44 个不同基因型代表株的 E 蛋白全基因序列, 其中全球型 12 株、美亚型 4 株、亚洲 1 型 9 株、亚洲 2 型 6 株、美洲型 11 株、森林型 2 株, 建立数据库, 应用 Seqman、ClustalX2、Bioedit 等软件计算核苷酸和氨基酸序列的相似度和变异度, Mege 6.0 软件构建病毒 E 基因序列进化树 (Neighbor-Joining 法), 分析可能的传播来源。

6. 蚊媒监测: 采用布雷图指数法在 5-10 月期间对永州市蚊媒密度开展日常监测, 疫情发生后选择祁阳县浯溪街道王府坪社区、长虹街道人民西路社区、龙山街道邵家岭社区采用布雷图指数法开展蚊媒密度应急监测, 计算风险指数, 评估传播风险。

7. 人群抗体水平监测: 2019 年 6 月, 采取回顾性调查方式, 在祁阳县随机采集 377 名健康人群血清, 应用 ELISA (捕获法) 检测登革热 IgG 抗体, 评估健康人群抗体水平。

8. 统计学分析: 采用回顾性流行病学与描述性流行病学方法, 对疫情资料与监测数据进行统计分析, 计算发病率和死亡率, 在时间、空间和人群分布上分析登革热本地暴发流行的特点。统计分析采用 SPSS 18.0 软件进行, 采用 χ^2 检验比较不同率之间的差异, 以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1. 指示病例实验室确诊:对 8 例疑似病例血清开展登革病毒核酸、登革病毒 NS1 抗原、肠道病毒核酸、新型布尼亚病毒核酸检测,结果显示 6 例病例登革病毒核酸阳性,均居住在祁阳县龙山街道宝塔街社区,最早发病时间为 9 月 2 日,其中有 4 例病例登革病毒 NS1 抗原阳性。经病毒血清型分型,6 例登革病毒核酸阳性标本均为登革病毒 2 型。8 例病例标本肠道病毒和新型布尼亚病毒核酸均为阴性、汉坦病毒 IgM 和 IgG 抗体均为阴性。组织专家讨论认定,该起疫情为本地登革热感染暴发疫情,达到突发公共卫生事件标准,当日在突发公共卫生事件管理信息系统进行网络直报并派防控专家前往现场指导疫情处置和开展病例搜索。见表 1。

表 1 2018 年湖南省登革热本地暴发流行指示病例
基础信息及实验室检测

病例 编号	性别	年龄 (岁)	发病 日期	核酸检测			抗体/抗原检测		
				DENV	SFTSV	EV	HFRS IgM	DENV NS1	
1	女	50	9 月 4 日	阳性	阴性	阴性	阴性	阳性	
2	女	40	9 月 3 日	阴性	阴性	阴性	阴性	阴性	
3	男	46	9 月 2 日	阴性	阴性	阴性	阴性	阴性	
4	男	68	9 月 2 日	阳性	阴性	阴性	阴性	阴性	
5	女	63	9 月 2 日	阳性	阴性	阴性	阴性	阳性	
6	女	78	9 月 9 日	阳性	阴性	阴性	阴性	阳性	
7	男	55	9 月 3 日	阳性	阴性	阴性	阴性	阴性	
8	男	42	9 月 5 日	阳性	阴性	阴性	阴性	阳性	

注:采样日期均为 2018 年 9 月 12 日,检验日期均为 2018 年 9 月 13 日;DENV:登革病毒;SFTSV:新型布尼亚病毒;EV:肠道病毒;HFRS:肾综合征出血热;NS1:登革病毒 NS1 抗原

2. 流行病学特征:累计搜索、检测、排查疑似登革热病例 186 例,确诊 96 例;发病年龄最小 10 岁,最大 86 岁;男性 47 例,女性 49 例,包括实验室确诊 82 例,临床诊断 14 例。重症病例 6 例,均伴有基础性疾病,临床表现以较严重出血为主,其中 1 例出现休克。轻症病例主要临床表现以发热(91/96)、乏力(73/96)、酸痛(47/96)为主,部分病例面、颈、胸发红,头疼、眼眶痛等症状。96 例登革热感染暴发疫情集中发生在永州市祁阳县,波及 2 个乡镇的 3 个街道的 17 个社区/村,均由感染登革病毒 2 型所致。最早病例发病日期是 9 月 1 日,最晚发病日期是 10 月 19 日,疫情持续时间 49 d,当地日平均气温 28.16 ℃。综合分析发病时间、发病人数和当日最高气温,病例集中分布在 9 月 13 日前后,随着防控措施的实施和气温的逐渐降低,病例发生逐渐减少,发病曲线符合疾病流行模式,自 9 月 15 日后,峰值逐渐降低。见图 1。

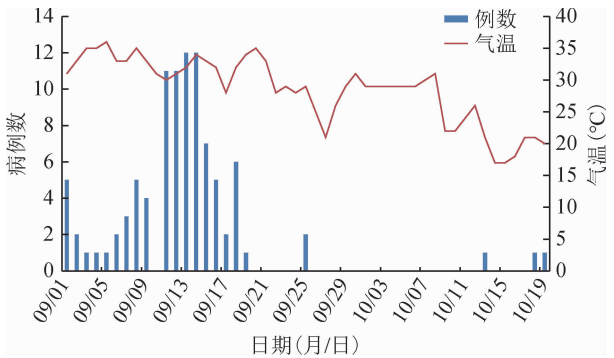


图 1 湖南省 2018 年登革热本地暴发流行 96 例确诊病例发病日期与日最高气温之间的关系

3. 病例核酸检测、病毒分离和基因测序:对 96 例确诊病例血清开展核酸检测、NS1 抗原检测及病毒分离,核酸检测阳性 72 例(75.00%)、NS1 抗原检测阳性 61 例(63.54%)、C6/36 细胞分离到病毒株 64 株(66.67%),全部为登革病毒 2 型。选择不同发病地点、年龄、时间的 15 株毒株进行病毒 E 基因序列测定,获得 15 个登革病毒 2 型 E 基因全序列,基因全长 1 485 bp,双链分子量 901.45×10^6 ,AT 含量 55.22%,GC 含量 44.78%,将序列上传至 GenBank 获得的序列号为:MK931408、MK931409、MK931410、MK931411、MK931412、MK931413、MK931414、MK931415、MK931416、MK931417、MK931418、MK931419、MK931420、MK931421、MK931422。氨基酸位点同源性分析表明,15 株毒株 E 蛋白氨基酸同源性达 99.7%~100.0%;与全球型的浙江杭州株同源性最高,达 99.4%~99.6%,与全球型的广东株同源性达 96.3%~96.5%,与全球型其他代表株有一定差异,在 93.6%~97.0%之间。E 蛋白重要氨基酸位点分析表明,分离的毒株所有抗原位点 E322 均突变成 V。

4. 蚊媒密度监测:日常蚊媒密度监测提示,永州市 2018 年 5—10 月布雷图指数分别为 4.84、8.74、18.50、10.92、22.22、2.27,6 个月平均指数为 11.29。疫情发生后祁阳县浯溪街道王府坪社区、长虹街道人民西路社区和龙山街道邵家岭社区蚊媒密度较高,布雷图指数分别为 16、65、21,提示该区域存在极高的登革热流行风险,立即动员社区力量,采取灭蚊和滋生地的清理措施。

5. 健康人群抗体监测:随机抽样的 377 名健康人群,男性 142 名,女性 235 名,其中 1~岁组 28 名、20~岁组 51 名、40~岁组 150 名、≥60 岁组 148 名。登革病毒 IgG 抗体阳性 2 例,抗体阳性率 0.53%(2/

377),均来自2018年疫情发生社区,2例病例均为女性,均>60岁,近期均无外出史。

6. 亲缘进化分析:15株病毒(MK931408~MK931422)与登革病毒2型的全球型毒株序列处于同一分支,属于登革病毒2型的全球型,与登革病毒2型的美亚型、亚洲1型、亚洲2型、美洲型、森林型进化距离较远,说明本次疫情仅由单一的登革病毒2型全球亚型引起。15株病毒与2017年广州株GD17040株、GZ217XN21274株(MH827554、

MK564481)、2017年杭州株HZ-74株、HZ-49、HZ-1560、HZ-1003株(MH110719、MH010605、MH110612、MH110564)序列聚集在一起,亲缘关系较近,而与其他地区的登革毒株序列明显相距较远。见图2。

讨 论

登革热在我国首次暴发流行发生在1978年的广东省,由登革病毒4型感染引起,造成22 122人感

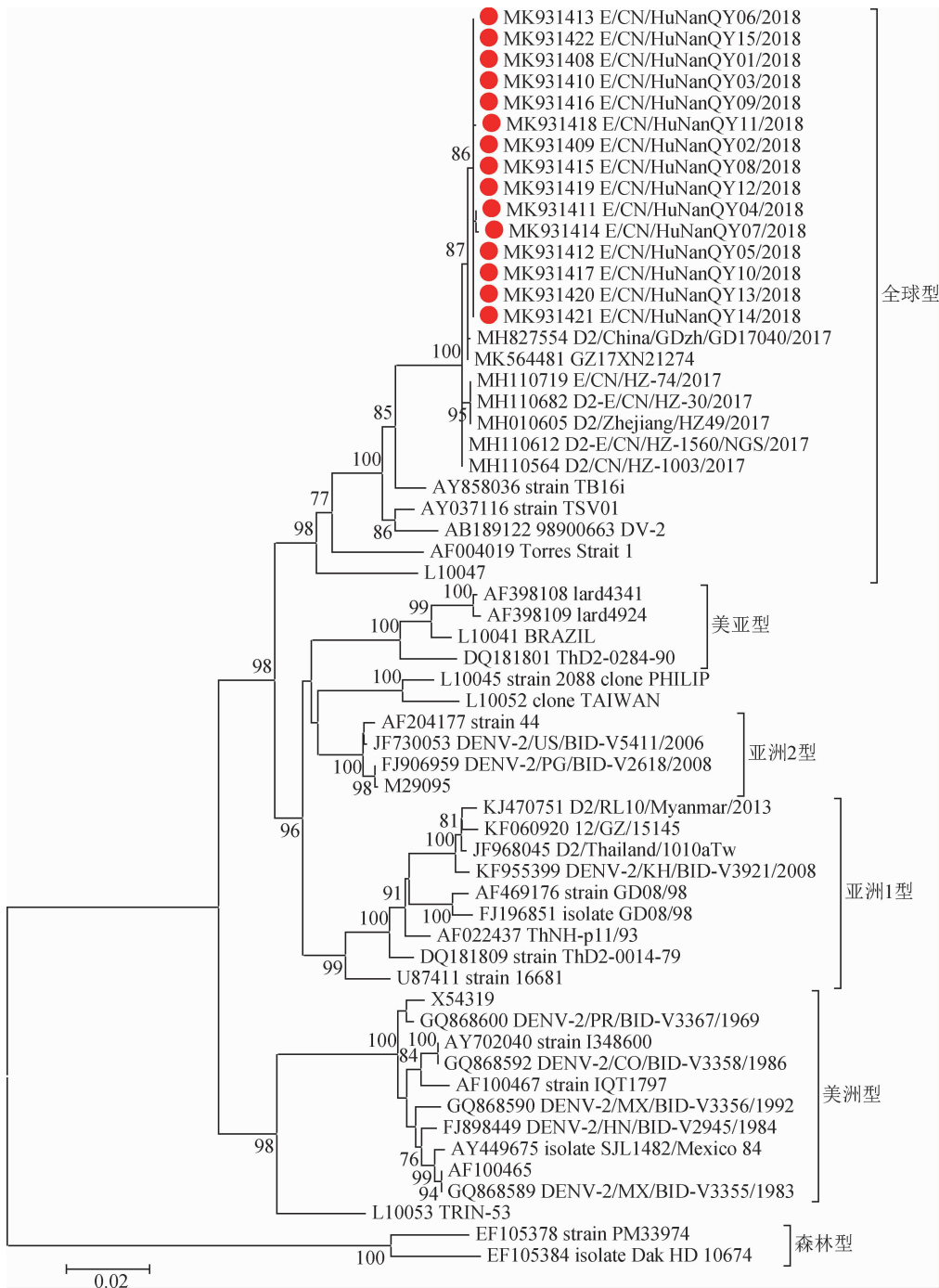


图2 2018年湖南省登革热本地暴发流行15株分离病毒株与其他代表毒株E基因进化分析

染,14人死亡,随后疫情逐渐向海南省、广西壮族自治区、福建省、浙江省和云南省蔓延^[7]。湖南省自2005年起建立了包括输入性和本地疑似病例监测、传播媒介监测和人群血清学监测体系,近15年来每年均有输入性的病例报告,2018年由输入性登革热病例引起本地暴发流行是自监测以来的重要发现,全年累计报告登革热病例175例,报告病例数较2017年(26例)上升573.07%,其中本地感染病例96例,输入性病例79例,发病率0.25/10万,死亡1例,实验室确诊146例,临床诊断29例,输入性病例主要来自泰国、柬埔寨、缅甸、马来西亚、菲律宾和老挝及我国广东省。

祁阳县位于湖南省西南部,湘江中上游,属亚热带季风湿润气候,常住人口87.99万,登记的流动人口20余万,外出务工、经商人口较多,经济较发达,与广东、浙江省等地人员、贸易往来频繁。本次疫情中发现的6例指示病例发病前2周内均无外出史,可以判定为输入性病例引起的本地暴发疫情,在启动突发公共卫生事件应急响应后,通过社区和医疗机构搜索病例,确诊登革热感染病例96例,流行病学调查显示96例病例发病前14 d均未曾离开过本地,说明为二代或三代病例。疫情发生后,及时采取了隔离治疗患者、灭成蚊、清除蚊虫滋生地、健康教育等措施,阻止了疫情向周边县(区)的进一步扩散。由于及时的灭蚊,未能对疫点蚊虫开展检测,目前蚊虫携带病毒的情况不明。

由于缺少有效的登革热疫苗和特效的治疗药物,人群对登革病毒普遍易感^[8],2008—2016年湖南省健康人群IgG抗体阳性率达6.71%^[9],说明存在既往或隐性感染病例。本研究通过回顾性地对祁阳县377名健康人群开展血清流行病学调查,IgG抗体阳性率为0.53%,2例病例均为祁阳县龙山街道和宝塔街道居民,近期无外出史,推测可能为2018年暴发疫情中的隐性感染病例。

登革病毒2型有美洲型、美亚型、亚洲1型、亚洲2型、森林型、全球型6个基因亚型^[10-11],E基因介导了病毒和细胞受体的结合,与病毒的组织嗜性有关,是研究登革病毒分子流行病学的最适基因,适合分析暴发流行的毒株来源和生物学特性^[12-13]。本研究对15株病毒分离株进行E基因全序列测序与分析,结果显示引起本次登革热暴发流行的毒株均为登革病毒2型全球型,与2017年广州株、2017年杭州株亲缘关系最近,推测引起本次暴发流行的毒株源自广东或浙江省,属于输入性病毒引起的本地暴

发流行,广州市2001—2015年流行的DENV-2也主要以全球型为主^[14],与流行病学调查资料一致。登革病毒2型毒株E蛋白主要毒力位点为E71(D)、E126(K)、E203(N)、E383~385(E-P-G)和E390(H)^[15],15株毒株均存在抗原位点E322突变成V,关键性的毒力位点没有发生改变,其生物学意义有待进一步研究。

在暴发期间对发热病例血清开展病毒分离是为确诊登革热病例提供病原学证据的最可靠方法,本研究中登革病毒分离阳性率为66.67%,这是湖南省首次从病例血清分离到登革病毒,另有32例病例标本未能分离到病毒,结合核酸和NS1抗原检测结果分析,主要与标本采集时大部分病例过了病毒血症期有关。登革热病例在不同的病程,采用不同的检测方法检出阳性率不一致,本研究对96例病例血清应用PCR检测核酸、胶体金法检测NS1抗原、C3/36分离病毒,阳性率分别为75.00%、63.54%、66.67%,3种检测方法比较无显著性差异,但单一的方法检测均存在漏检,对登革热病例实验室确诊,必须多种方法联合运用,综合判断。

湖南省每年均有输入性的病例报告,此次暴发的原因,主要与全球化进程进一步扩大,湖南省同登革热流行地区的旅游、贸易、劳务日益频繁有关,增加了输入性病例的风险,同时湖南省8—10月间持续高热潮湿,14个市(自治州)均存在白纹伊蚊的滋生地,气温升高和降水增多,增加了蚊虫的滋生和活动能力,日常蚊媒密度监测永州市布雷图指数达11.29,具有较高的登革热传播风险,疫情发生后本地病例最多的3个社区布雷图指数高达16、65、21,具有极高的登革热传播风险。其次,与湖南省除了散发的输入性病例外,从未发生过本地流行,大部分病例为轻症或隐性感染,临床医生对该病的诊断能力欠缺,限制了病例的发现和报告有关。

综上所述,现场流行病学调查和分子遗传分析提示,湖南省2018年本地暴发疫情由输入性病例引起,由单一的登革病毒2型全球型引起。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

- [1] Gubler DJ. Epidemic Dengue/Dengue Hemorrhagic fever as a public health, social and economic problem in the 21st century [J]. Trends Microbiol, 2002, 10 (2): 100-103. DOI: 10.1016/S0966-842X(01)00288-0.
- [2] Halstead SB. Dengue [J]. Lancet, 2007, 370(9599): 1644-1652. DOI: 10.1016/S0140-6736(07)61687-0.

[3] San Martin JL, Brathwaite O, Zambrano B, et al. The epidemiology of dengue in the Americas over the last three decades: a worrisome reality[J]. Am J Trop Med Hyg, 2010, 82 (1): 128–135. DOI: 10.4269/ajtmh.2010.09–0346.

[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] Cruz CD, Forshey BM, Juarez DS, et al. Molecular epidemiology of American/Asian genotype DENV-2 in Peru [J]. Infect Genet Evol, 2013, 18: 220–228. DOI: 10.1016/j.meegid.2013.04.029.

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

[7] Li G, Pan P, He QY, et al. Molecular epidemiology demonstrates that imported and local strains circulated during the 2014 dengue outbreak in Guangzhou, China [J]. Virol Sin, 2017, 32 (1): 63–72. DOI: 10.1007/s12250–016–3872–8.

[8] WHO. Dengue: Guidelines for Diagnosis, Treatment, Prevention and Control [J]. Geneva: World Health Organization, 2009. DOI: 10.1001/jama.1924.02650380058035.

[9] 蔡亮, 孙倩莱, 何方玲, 等. 2008–2016年湖南省登革热病例及病原学监测结果 [J]. 热带医学杂志, 2019, 19(11): 1425–1430, 1441. DOI: 1672–3619(2019)11–1425–06.

Cai L, Sun QL, He FL, et al. Epidemiology and virological characteristics of the dengue fever surveillance in Hunan province from 2008 to 2016 [J]. J Trop Med, 2019, 19 (11): 1425–1430, 1441. DOI: 1672–3619(2019)11–1425–06.

[10] Sang SW, Chen B, Wu HX, et al. Dengue is still an imported disease in China: a case study in Guangzhou [J]. Infect Genet Evol, 2015, 32: 178–190. DOI: 10.1016/j.meegid.2015.03.005.

[11] Mir D, Romero H, de Carvalho LMF, et al. Spatiotemporal dynamics of DENV-2 Asian-American genotype lineages in the Americas [J]. PLoS One, 2014, 9 (6): e98519. DOI: 10.1371/journal.pone.0098519.

[12] Drumond BP, Mondini A, Schmidt DJ, et al. Population dynamics of DENV-1 genotype V in Brazil is characterized by co-circulation and strain/lineage replacement [J]. Arch Virol, 2012, 157(11): 2061–2073. DOI: 10.1007/s00705–012–1393–9.

[13] Rico-Hesse R. Molecular evolution and distribution of dengue viruses type 1 and 2 in nature [J]. Virology, 1990, 174 (2): 479–493. DOI: 10.1016/0042–6822(90)90102–W.

[14] 刘远, 蒋力云, 罗雷, 等. 广州市2001–2015年登革病毒2型E基因进化分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2017, 38(1): 90–95. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2017.01.018.

Liu Y, Jiang LY, Luo L, et al. Phylogenetic analysis of envelope gene of dengue virus serotype 2 in Guangzhou, 2001–2015 [J]. Chin J Epidemiol, 2017, 38 (1): 90–95. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2017.01.018.

[15] Lewis JA, Chang GJ, Lanciotti RS, et al. Phylogenetic relationships of dengue-2 viruses [J]. Virology, 1993, 197 (1): 216–224. DOI: 10.1006/viro.1993.1582.

(收稿日期: 2020–01–07)

(本文编辑: 斗智)

中华预防医学会流行病学分会第八届委员会组成人员名单

(按姓氏笔画排序)

顾问	刘天锡	汪 华	陆 林	姜庆五	贺 雄			
名誉主任委员	李立明							
主任委员	詹思延							
副主任委员	叶冬青	冯子健	何 纳	何 耀	沈洪兵	胡永华		
常务委员	王 岚	王子军	王全意	王素萍	代 敏	吕 筠	朱凤才	江 宇
	许国章	李立明	李亚斐	杨晓明	杨维中	吴 凡	吴先萍	汪 宁
	张建中	陈 坤	赵根明	胡志斌	段广才	俞 敏	施小明	唐金陵
	曹务春	谭红专						
委 员	丁淑军	么鸿雁	王 蓓	王建明	毛 琛	仇小强	方向华	田文静
	白亚娜	吕 繁	庄贵华	刘 玮	刘运喜	刘雅文	刘殿武	许汴利
	孙业桓	苏 虹	李 琦	李文庆	李石柱	李佳圆	杨西林	杨敬源
	吴尊友	吴寰宇	邱洪斌	余宏杰	张 本	张 军	张卫东	张毓洪
	陈可欣	陈维清	邵中军	欧剑鸣	周宝森	官旭华	孟 蕾	项永兵
	赵亚双	胡东生	施 榕	姜 勇	姜 晶	袁 萍	贾存显	贾崇奇
	高立冬	郭卫东	郭秀花	曹广文	梁 娴	寇长贵	彭 霞	韩秀敏
	程锦泉	程慧健	曾小云	雷立健	蔡建芳	缪小平	潘 安	戴江红
	魏文强							
秘书长	王 岚							
秘 书	余灿清	李银鸽						