

2017 年河南省 7 株麻疹病毒分离株血凝素基因特征分析

丰达星 张璐 吕宛玉 杨建辉 李光伟 徐瑾 张延炆

河南省疾病预防控制中心免疫预防与规划所, 郑州 450016

通信作者: 张延炆, Email: zhangyy1984@139.com, 电话: 0371-68089019

【摘要】 目的 分析河南省 2017 年麻疹病毒分离株的血凝素基因特征。方法 咽拭子标本来源于 2017 年河南省麻疹监测信息系统中报告的 7 例麻疹实验室确诊病例, 用非洲绿猴肾细胞/淋巴信号激活因子转染的非洲绿猴肾细胞 (Vero/Slam) 从标本中分离麻疹病毒, 用逆转录 PCR 扩增麻疹分离株的血凝素蛋白(H)基因, 再对扩增产物进行核苷酸序列测定和分析。结果 7 例麻疹病例的年龄为 1~50 岁, 均为男性。7 株分离株均为 H1a 基因型, 核苷酸、氨基酸平均遗传距离均为 0.005, 与 Shanghai-191/China-vaccine 毒株序列进行比较, 氨基酸序列 240、397、481 位点发生氨基酸的突变。结论 河南省 2017 年麻疹病毒流行株为 H1a 基因型, 与 Shanghai-191/China-vaccine 株相比较, 在基因特性上存在差异, 需进一步加强麻疹病毒变异程度的监测。

【关键词】 麻疹病毒; 血凝素; 特征; 监测

DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2019.09.012

Analysis on the hemagglutinin genetic characteristic of 7 measles virus isolated in Henan Province in 2017

Feng Daxing, Zhang Lu, Lyu Wanyu, Yang Jianhui, Li Guangwei, Xu Jin, Zhang Yanyang

Institute of Expanded Programme on Immunization, Henan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Zhengzhou 450016, China

Corresponding author: Zhang Yanyang, Email: zhangyy1984@139.com, Tel: 0086-371-68089019

【Abstract】 Objective Analyze the genetic characteristic of Hemagglutinin(H) gene of measles viruses isolated in Henan Province in 2017. **Methods** Swab samples collected from 7 lab confirmed measles cases, and we got the measles virus by Vero/Slam inoculation. Fragment of H genes were amplified by reverse transcription polymerase chain reaction(RT-PCR), then the PCR products were sequenced and analyzed. **Results** The age of the 7 measles confirmed cases were between 1 and 50 years old, and all of them were males. All the 7 measles viruses were identified as H1a genotype, and the average distance of the nucleotides and the amino acids was 0.005, respectively. Compared with the Shanghai-191/China-vaccine, there were some changes in isolated virus, such as 240th, 397th and 381st sites in the amino acid sequence. **Conclusion** The measles genotype which isolated in Henan Province in 2017 was H1a. There were some difference from Shanghai-191/China-vaccine in the nucleotides sequence of H gene, which suggested that it's necessary to strengthen the monitor the variation of measles virus.

【Key words】 Measles virus; Hemagglutinin; Characterization; Surveillance

DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2019.09.012

麻疹病毒属于副黏病毒科麻疹病毒属, 只有一个血清型^[1], 引起发热并伴有出疹的急性上呼吸道感染, 通过免疫预防来预防与控制。麻疹病毒共有 8 个基因组(A~H), 24 个基因型, 全球范围有多基因型别分布^[2]。麻疹病毒为单股负链 RNA 病毒, 有 6 个结构基因, 编码 8 个蛋白质, 在负链的基因排

列顺序是 3'-N-P/V/C-M-F-H-L-5', 其中 H 和 F 蛋白在病毒外膜上, 为糖基化膜蛋白^[3], 它们的结构和功能决定麻疹病毒的致病性和免疫原性。不同基因型麻疹病毒核苷酸变异主要在核蛋白(nucleoprotein, N)基因和血凝素蛋白(hemagglutinin, H)基因, WHO 通过对核蛋白基因

羧基(COOH)末端的 450 个核苷酸序列或血凝素蛋白编码基因的全长序列,对麻疹病毒来分型。为了解河南省麻疹病毒分离株的 H 蛋白的基因特征,分析其变异情况,本研究对河南省 2017 年麻疹病毒分离株开展 H 蛋白基因分析,并结合 2012 年河南省研究结果,为控制麻疹流行提供科学依据,现将结果报告如下。

材料与方 法

1. 标本来源:咽拭子标本来源于 2017 年河南省麻疹监测信息系统中报告的 7 例麻疹实验室确诊病例,按照《全国麻疹监测方案(2014 年版)》对监测病例进行个案调查,调查内容包括:病例个人信息、发病情况、症状和体征、一般实验室检查、病原学检测等信息。监测病例标准参照《全国麻疹监测方案(2014 年版)》,发热、出疹,伴咳嗽、卡他性鼻炎、结膜炎、淋巴结肿大、关节炎/关节痛症状之一者,或传染病责任疫情报告人怀疑为麻疹或风疹的病例。实验室确诊病例定义为监测病例中血标本检测麻疹 IgM 抗体阳性者,或病原学标本检测麻疹病毒核酸阳性或分离到麻疹病毒者,或恢复期血清麻疹 IgG 抗体滴度比急性期有 ≥ 4 倍升高,或急性期抗体阴性而恢复期抗体阳转者。

2. 病毒分离:采集咽拭子标本,咽拭子标本保存在病毒运输液中,送至河南省疾病预防控制中心进行病毒分离。所用细胞为非洲绿猴肾细胞/淋巴信号激活因子转染的非洲绿猴肾细胞(Vero cell/signaling lymphocyte activation molecule, Vero / Slam)^[4],由中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所提供,抽取麻疹实验室确诊病例的咽拭子标本 0.2 ml,接种于培养状态良好的 Vero/Slam 细胞,37℃吸附 1 h 后弃上清,换含 2% 牛血清的细胞维持液,33℃培养 7~10 d,每天观察细胞是否出现融合病变(cytopathic effect, CPE),必要时换液或盲传一代,当 75%~90% 细胞呈现 CPE 时收获,-80℃保存备用。

3. 核酸提取:对病毒分离物进行核酸提取,取分离物 0.2 ml,用 Rneasy Mini Kit(德国 Qiagen 公司;批号:74104)试剂盒,依据操作说明书操作,最终收集 60 μ l RNA 提取液,-80℃保存备用。

4. H 基因的扩增和序列测定:参考文献[5]中方法合成扩增 H 基因的引物,共有 4 对,扩增 4 个片段,引物合成由生工生物工程(上海)股份有限公司

完成,所用扩增试剂盒为 One-step RT-PCR kit 试剂盒(德国 Qiagen 公司;货号:210212),使用 PCR 仪(美国 Thermo Fisher 公司;型号:Veriti)进行逆转录 PCR 扩增,反应条件为 50℃逆转录 30 min,95℃预变性 15 min;然后进行 40 个循环的扩增:95℃ 30 s,55℃ 30 s,72℃ 30 s,最后 72℃延伸 10 min。扩增产物经毛细管电泳仪(德国 Qiagen 公司;型号:QIAxcel Advanced)电泳鉴定后,阳性产物送生工生物工程(上海)股份有限公司进行序列测定。每个片段经上下游引物测序,分别获得 2 条序列,每株病毒共收到 8 条序列,使用 Contig Express (vector NTI suite 6.0),将 8 条序列片段拼接并整理成 H 基因全序列,命名备用。

5. 序列分析:在美国国立生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)中检索下载麻疹病毒各基因型参考株序列,Shanghai-191/China-vaccine 参考株基因序列,以及我国各省份 1999—2013 年上传的麻疹 H 基因序列,同时使用河南省 2012 年分离株序列备用。使用 MEGA 7 软件进行序列分析,依次将 2017 年获得序列与对各参考序列做序列对比,对比方法为 clustal W,使用邻近结合法(neighbor-joining, NJ)构建系统进化树,计算 Bootstrap 值,检验进化树各分支置信度,共 1 000 个循环,当 Bootstrap 值 >70 时认为构建的进化树可靠。使用 MEGA 7 软件 distance 模块计算各序列间遗传距离,主要包括 pairwise distance 以及 overall mean distance 其中核苷酸遗传距离分析采用 Kimura 2-parameter 模型,氨基酸遗传距离采用 Poisson 模型。

结 果

1. 基本情况:7 例麻疹病例的年龄 1~50 岁,均为男性。7 株分离株中,每株均得到 4 个 PCR 产物,长度分别为 654、837、737 和 483 bp。扩增产物经过序列测定和拼接,共获得 7 条 H 基因序列,分别命名为 MVi/Henan.CHN/08.17/1、MVi/Henan.CHN/19.17/1、MVi/Henan.CHN/19.17/2、MVi/Henan.CHN/22.17/1、MVi/Henan.CHN/38.17/1、MVi/Henan.CHN/49.17/1 和 MVi/Henan.CHN/52.17/1,各序列长度均为 1 854 bp,未发现核苷酸的插入和缺失。

2. 核苷酸及氨基酸序列遗传距离分析:共下载麻疹各基因型病毒参考序列 25 条,Shanghai-191/China-vaccine 株的基因序列 1 条,我国 1999—2013

年上传的麻疹 H 基因序列 21 条,河南省 2012 年的序列 17 条。河南省 2017 年 7 株麻疹病毒分离株 H 基因核苷酸距离为 0.001~0.008,平均为 0.005,与河南省 2012 年 17 株麻疹病毒分离株平均遗传距离为 0.012,与我国 1999—2013 年麻疹病毒分离株平均遗传距离为 0.013。河南省 2017 年 7 株麻疹病毒分离株氨基酸遗传距离为 0~0.010,平均为 0.005,与河南省 2012 年 17 株麻疹病毒分离株平均遗传距离为 0.013,与我国 1999—2013 年麻疹病毒分离株平均遗传距离为 0.012。与 Shanghai-191/China-vaccine 株核苷酸遗传距离为 0.056~0.058,与 China93-4/H1a 参考株为 0.012~0.016,与 Shanghai-191/China-vaccine 参考株氨基酸遗传距离为 0.050~0.052,与 China93-4/H1a 参考株为 0.015~0.020,详见表 1。

3. 系统进化树分析:7 株麻疹病毒分离株均与 H1a 基因型在同一分支,属于 H1a 亚型,与 KJ136537.1_MVi/Jiangxi.CHN/22.10H1、KJ136539.1_MVi/Jiangxi.CHN/20.11H1、KJ136539.1_MVi/Jiangxi.CHN/20.11H1 序列亲缘关系较近,与河南省 2012 年分离株在同一分支。

4. H 基因序列特征分析:2017 年河南省 7 株麻疹病毒分离株 H 基因由 1 854 个碱基组成,对比 Shanghai-191/China-vaccine 参考株,分离株共有 96 个核苷酸碱基发生变异,碱基变异率为 5.18%,其中发生碱基颠换 17 个位点,碱基置换 79 个位点;对比 China93-4/H1a 参考株,分离株有 20 个核苷酸碱基发生变异,碱基变异率为 1.08%,其中发生碱基颠换 4 个位点,碱基置换 16 个位点。2017 年河南省 7 株麻疹病毒分离株共有 618 个氨基酸,对比 Shanghai-191/China-vaccine 参考株,分离株有 28 个氨基酸发生置换,置换率为 4.53%;对比 China93-4/H1a 参考株,分离株有 8 个氨基酸发生置换,置换率为 1.29%。

核苷酸序列推导的氨基酸序列,对比

Shanghai-191/China-vaccine 参考株显示,分离株均在 240 位点由丝氨酸(Ser, S)突变为天冬酰胺(Asn, N),在 243 位点由精氨酸(Arg, R)突变为甘氨酸(Gly, G),在 397 位点由脯氨酸(Pro, P)突变为亮氨酸(Leu, L),在 481 位点由酪氨酸(Tyr, Y)突变为天冬酰胺(Asn, N),而在 287、300、381、394、494、579、583 等位点上的半胱氨酸残基均未发生突变。这些特异性位点的改变同样出现在河南省 2012 年分离株以及其他省的分离株序列中,同时,河南省 2012 年和 2017 年的分离中发现有部分位点的改变为和江西省特有,其他序列中未发现这些位点的改变,分别是 359 位点谷氨酰胺(Gln, Q)突变为组氨酸(His, H),574 位点天冬氨酸(Asp, D)突变为丙氨酸(Ala, A),594 位点甘氨酸(Gly, G)突变为精氨酸(Arg, R)和 603 位点甘氨酸(Gly, G)突变为谷氨酸(Glu, E)。

讨 论

根据 WHO 麻疹病毒基因分型标准,毒株间 N 蛋白基因羧基端 450 个碱基序列差异如 <2.5%, H 蛋白基因序列差异如 <2%, 可以列为同一基因型^[6]。近年来的监测表明,虽然我国陆续出现了 B3、D8、D11 等基因型的输入报道^[7-9],我国仍然以 H1a 基因型流行为主,该型已连续 16 年成为我国流行性优势株^[10],且在一些局部地区会引起暴发^[11],河南省 2012 年监测报道显示麻疹病毒以 H1a 基因型为主^[12],2017 年河南省麻疹分离株同样为 H1a 基因型。

系统进化树显示,不仅河南省麻疹病毒 H 基因同 H1a 分支,与其他省提交序列相比,也在同一分支。同源性分析显示,河南省 2017 年分离株同源性较高,与河南省 2012 年麻疹病毒分离株平均遗传距离以及与外省分离株平均遗传距离均较低,

表 1 河南省 2017 年 7 株麻疹病毒分离株与参考株遗传距离分析

毒株序列	Shanghai-191/China-vaccine		China93-4/H1a	
	核苷酸遗传距离	氨基酸遗传距离	核苷酸遗传距离	氨基酸遗传距离
MVi/Henan.CHN/08.17/1	0.056	0.050	0.012	0.015
MVi/Henan.CHN/19.17/1	0.058	0.052	0.016	0.016
MVi/Henan.CHN/19.17/2	0.058	0.052	0.015	0.016
MVi/Henan.CHN/22.17/1	0.058	0.052	0.014	0.016
MVi/Henan.CHN/38.17/1	0.056	0.050	0.013	0.015
MVi/Henan.CHN/49.17/1	0.057	0.052	0.015	0.020
MVi/Henan.CHN/52.17/1	0.057	0.050	0.013	0.016

说明河南省分离株核苷酸序列未发生较大改变,该现象与我国西安市、辽宁省的研究结果相似^[13-14]。

本研究发现,与 Shanghai-191/China-vaccine 株相比,2017年河南省分离株发生氨基酸位点改变的数量较冯燕等^[15]的报道有所增加,说明随着时间的积累,H基因的氨基酸变化在逐年增加。其中包括第240、397和481位,该位点的变异在广东、江西省均有报道^[16-17],说明这些位点变异已较普遍。第240位的改变会引起238~240糖基化位点的改变,该位点是H基因重要的6个中和抗原位点之一^[18],位点的变化将会导致麻疹病毒H蛋白的抗原漂移^[19],第397位与H基因抗原决定基有关,氨基酸的改变会导致单克隆抗体无法识别,而第481位点与CD46受体相关,改变将导致病毒无法结合CD46受体^[20],导致麻疹病毒不能在Vero细胞复制繁殖。

本研究结果还显示,我国流行的麻疹病毒除了238~240糖基化位点发生改变,其余4个糖基化位点均未发生改变,中和抗原位点均保持稳定。另外,在287、300、381、394、494、579、583位上的半胱氨酸残基,河南省2017年分离株与 Shanghai-191/China-vaccine 株相比,在这几个位点均未发生变化,这些氨基酸对于H基因的稳定性及功能起着非常重要的作用^[21]。但是预测研究显示,预测的抗原表位及非表位区上的部分氨基酸变异将会导致疫苗株与分离株间抗原性存在差异^[22]。赵智娟等^[23]研究显示,云南省2 689名调查对象的麻疹抗体GMC为810.20 mU/ml,麻疹抗体阳性率达到了89.77%,何寒青等^[24]研究显示,接种麻疹疫苗3年时麻疹、风疹均维持较高的抗体阳性率和抗体水平,但是通过交叉中和试验,浙江和陕西省^[25-26]研究提示,接种麻疹疫苗后,血清中产生的特异性抗体中和麻疹病毒分离株的能力低于麻疹疫苗株,故需继续加强流行麻疹病毒H基因的动态监测,以进一步的研究验证我国疫苗对流行麻疹病毒的保护效果。在本次研究中,还发现部分位点的突变为一些省特有,由于搜集序列的局限性,这些位点的改变是否局限在某些地区,这些改变是否会改变病毒的特性以及疾病的流行,需要开展进一步的分析。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

[1] Measles virus nomenclature update:2012[J]. Wkly Epidemiol Rec,2012,87(9):73-81.

- [2] Genetic diversity of wild-type measles viruses and the global measles nucleotide surveillance database(MeasNS) [J]. Wkly Epidemiol Rec,2015,90(30):373-380.
- [3] 金奇. 医学分子病毒学[M].北京:科学出版社,2001.
- [4] Welstead GG, Iorio C, Draker R, et al. Measles Virus Replication in Lymphatic Cells and Organs of CD150(SLAM) Transgenic Mice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005, 102(45): 16415-16420. DOI:10.1073/pnas.0505945102.
- [5] 许松涛, 姬奕昕, 朱贞, 等. 中国2005年流行麻疹野病毒H1a基因亚型血凝素基因和氨基酸特征分析[J]. 中国计划免疫, 2006, 12(1): 13-18. DOI: 10.3969/j.issn.1006-916X.2006.01.003.
- [6] Hu A, Norby E. Role of individual cysteine residues in the pro-processing and antigenicity of the measles virus haemagglutinin protein[J]. J Gen Virol, 1994, 75(9):2173-2181. DOI:10.1099/0022-1317-75-9-2173.
- [7] 王淑蕾, 李崇山, 王慧玲, 等. 中国大陆首次发现输入性B3基因型麻疹病毒病例[J]. 病毒学报, 2014, 30(05):535-540.
- [8] 孙晓冬, 李崇山, 汤显, 等. 2012年在上海市发现中国大陆首例输入性D8基因型麻疹病例[J]. 病毒学报, 2013, 29(6): 583-588.
- [9] 李立群, 庞颜坤, 王慧玲, 等. 云南省麻疹野病毒不同基因型的流行分布状况[J]. 中国疫苗和免疫, 2012, 18(2): 105-109+117.
- [10] 王淑蕾. 2013年中国麻疹病毒的流行病学和分子流行病学研究[D].北京:中国疾病预防控制中心,2015.
- [11] 刘李, 何吉兰, 曹冉冉, 等. 四川省阿坝州1起麻疹暴发疫情病毒分离株基因分型分析[J]. 国际病毒学杂志, 2018, 25(5): 353-357. DOI: 10.3760 / cma. j. issn. 1673-4092.2018.05.018.
- [12] 丰达星, 路明霞, 刘倩, 等. 河南省2010—2011年麻疹野病毒核蛋白基因变异特征分析[J]. 中国病毒病杂志, 2013, 3(02): 142-145.
- [13] 李焱, 马超锋, 吴瑞, 等. 2013—2017年西安市流行麻疹病毒的基因特征分析[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2019, 33(2): 142-147. DOI: 10.3760 / cma. j. issn. 1003-9279.2019.02.006.
- [14] 王艳, 马艳, 徐晓婷, 等. 辽宁省1997—2014年H1a基因亚型麻疹野病毒流行株血凝素(H)基因特征分析[J]. 病毒学报, 2015, 31(4):410-419.
- [15] 冯燕, 钟淑玲, 徐昌平, 等. 浙江省麻疹病毒流行株血凝素基因的变异及其与国内外流行株的差异[J]. 中华预防医学杂志, 2013, 47(7): 616-621. DOI: 10.3760 / cma. j. issn.0253-9624.2013.07.009.
- [16] 鄢心革, 罗耀星, 郑焕英, 等. 广东省麻疹病毒血凝素基因的序列分析[J]. 华南预防医学, 2003, 29(1): 5-7, 13. DOI: 10.3969/j.issn.1671-5039.2003.01.002.
- [17] 施勇, 熊英, 李健雄, 等. 2008年-2012年江西省麻疹病毒分离株H基因特征分析[J]. 中国卫生检验杂志, 2016, 26(08): 1156-1160.
- [18] 卢亦愚. 麻疹[M].北京:人民卫生出版社,2016.
- [19] 雷亚克, 戴莹, 李静, 等. 2008—2012年湖北省麻疹野病毒分子流行病学研究[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2015, 29(4): 303-305. DOI: 10.3760 / cma. j. issn. 1003-9279.2015.04.005.
- [20] Muhlebach MD, Mateo M, Sinn PL, et al. Adherens junction protein nectin-4 is the epithelial receptor for measles virus[J]. Nature, 2011, 480(7378):530-533. DOI:10.1038/nature10639.
- [21] Nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses (update). Part I[J]. Wkly Epidemiol

Rec, 2001, 76(32): 242-247.

[22] 冯燕, 钟淑玲, 徐昌平, 等. 麻疹病毒血凝素蛋白抗原表位的预测与分析[J]. 中华流行病学杂志, 2015, 36(9): 983-987. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2015.09.016.

[23] 赵智娴, 周榕溶, 李立群, 等. 2015年云南省20岁及以上常住居民麻疹抗体水平与易感性分析[J]. 中华预防医学杂志, 2018, 52(1): 50-54. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2018.01.010.

[24] 何寒青, 李倩, 严睿, 等. 儿童接种不同免疫程序国产麻疹-流行性腮腺炎-风疹联合减毒活疫苗后3年抗体持久性分析[J]. 中华预防医学杂志, 2017, 51(4): 336-340. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2017.04.011.

[25] 严菊英, 卢亦愚, 张建华, 等. 浙江省麻疹病毒分离株的基因特性与免疫原性研究[J]. 中国病毒学, 2006, 21(1): 1-5.

[26] 李平, 刘西珍, 刘毅, 等. 陕西省麻疹流行病学分析及控制策略[J]. 中国公共卫生, 2008(1): 48-49.

(收稿日期: 2019-04-02)
(本文编辑: 梁明修)

《中华预防医学杂志》第十一届编辑委员会委员名单

(以下按姓氏汉语拼音排序)

顾 问: 高 福 姜庆五 李立明 林东昕 饶克勤 邵 峰 孙长颢 王心如 乌正赉
颜 虹 杨维中

名誉总编辑: 陈育德

总 编 辑: 陈君石

副 总 编 辑: 陈 雯 顾东风 郝卫东 屈卫东 沈洪兵 施小明 孙江平 陶芳标 邬堂春
杨瑞馥 赵文华* 郑玉新

资深编委: 蔡 原 柯跃斌 刘宝林 石京山 唐耀武 王 鸣 荫士安 张立实

编辑委员: 毕振强* 曹广文 曹建平* 曹卫华 陈君石 陈万青* 陈伟伟* 陈 雯 陈直平
程锦泉 崔富强* 代 敏 戴宇飞* 董少忠* 樊永祥* 方钟燎* 冯子健 高志贤
顾东风 郭浩岩* 郭新彪 郝卫东 何剑峰* 何 纳* 胡东生 胡国清* 胡志斌
黄国伟 贾 光 景怀琦 静 进 阚 飙 阚海东* 康殿民 赖建强* 李士雪*
李焜焜* 李文杰 李晓松 李英华* 李 颖 李增宁* 梁 娴 梁晓峰 刘烈刚
刘小立 刘中夫* 鲁凤民 陆家海* 罗会明* 吕 繁 吕嘉春* 吕相征 马冠生
马 军 马文军 马学军 么鸿雁* 米 杰 缪小平* 牛建军 牛丕业* 潘劲草
庞星火 裴晓方* 屈卫东 邵祝军 沈洪兵 施小明 舒跃龙 孙江平 谭 文*
汤乃军 唐金陵* 陶芳标 王华庆* 王 慧* 王临虹 王 宁* 王培玉 王全意
王世文 王世鑫 王新华* 王志敏* 邬堂春 吴 疆 吴先萍 吴永宁 武 鸣*
夏俊杰* 夏 敏* 谢学勤* 徐爱强* 徐东群 徐建青 许汴利 薛付忠 杨瑞馥
杨杏芬 杨智聪* 羊海涛 于石成 余宏杰* 余善法 袁 静* 袁政安 张爱华
张 济* 张永红* 赵根明 赵景志 赵文华* 赵一鸣 郑玉新 周宝森* 周脉耕*
朱凤才 庄贵华*

注:加*为新任编委