

· 新型冠状病毒肺炎疫情防控 ·

一起可能经气溶胶传播的新型冠状病毒 Delta 变异株聚集性疫情调查

吴双胜¹ 张姣姣¹ 孙瑛¹ 任正勇¹ 窦相峰¹ 张莉¹ 段玮¹ 马春娜¹ 杨鹏²
庞星火³

¹北京市疾病预防控制中心传染病地方病控制所/北京市预防医学研究中心,北京 100013;²北京市疾病预防控制中心全球健康中心办公室/北京市预防医学研究中心,北京 100013;³北京市疾病预防控制中心办公室/北京市预防医学研究中心,北京 100013
通信作者:杨鹏,Email:yangpengcdc@163.com

【摘要】目的 分析北京市昌平区一起新型冠状病毒(新冠病毒)Delta 变异株家庭聚集性疫情的流行特征和传播链。**方法** 应用流行病学调查和大数据技术核查病例的活动轨迹,对活动轨迹涉及的风险点位进行密切接触者追踪、人员和环境采样核酸检测,对核酸阳性标本进行基因测序分析。**结果** 2021 年 11 月 1 日,通过人群主动筛查,发现北京市昌平区一起涉及 5 例新冠病毒感染者的 Delta 变异株家庭聚集性疫情。感染来源于 10 月 22-27 日与该起家庭聚集性疫情的首发病例在同一酒店集中隔离。感染来源在隔离期间可能通过通风管道气溶胶传播给该起疫情的首发病例。首发病例 10 月 27 日解除隔离,10 月 27 日至 11 月 1 日在共同居住期间造成其他 4 名家庭成员续发感染。**结论** 新冠病毒 Delta 变异株易引发家庭聚集性疫情,隔离酒店上下通风管道传播应引起重视。

【关键词】 新型冠状病毒肺炎; 新型冠状病毒; Delta 变异株; 气溶胶; 感染来源

基金项目:北京市科技计划(Z211100002521019,Z21110000221019)

Survey of possible aerosol transmission of a COVID-19 epidemic caused by 2019-nCoV Delta variant

Wu Shuangsheng¹, Zhang Jiaojiao¹, Sun Ying¹, Ren Zhengyong¹, Dou Xiangfeng¹, Zhang Li¹, Duan Wei¹, Ma Chunna¹, Yang Peng², Pang Xinghuo³

¹Institute for Infectious Disease and Endemic Disease Control, Beijing Center for Disease Prevention and Control/Beijing Research Center for Preventive Medicine, Beijing 100013, China; ²Office of Global Health Center, Beijing Center for Disease Prevention and Control/Beijing Research Center for Preventive Medicine, Beijing 100013, China; ³Central Office, Beijing Center for Disease Prevention and Control/Beijing Research Center for Preventive Medicine, Beijing 100013, China

Corresponding author: Yang Peng, Email: yangpengcdc@163.com

【Abstract】 Objective To investigate the epidemiological characteristics and the transmission chain of a family clustering of COVID-19 cases caused by severe acute respiratory 2019-nCoV Delta variant in Changping district of Beijing. **Methods** Epidemiological investigation was conducted and big data were used to reveal the exposure history of the cases. Close contacts were screened according to the investigation results, and human and environmental samples were collected for nucleic acid tests. Positive samples were analyzed by gene sequencing. **Results** On November 1, 2021, a total of 5 COVID-19 cases caused by 2019-nCoV Delta variant were reported in a family detected through active screening. The infection source was a person in the same designated isolation hotel where the first case of the family cluster was isolated from 22 to 27, October. The first case was possibly infected through aerosol particles in the ventilation duct system of the isolation

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20211208-00961

收稿日期 2021-12-08 本文编辑 张婧

引用格式:吴双胜,张姣姣,孙瑛,等.一起可能经气溶胶传播的新型冠状病毒Delta变异株聚集性疫情调查[J].中华流行病学杂志,2022,43(3):305-309. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20211208-00961.

Wu SS, Zhang JJ, Sun Y, et al. Survey of possible aerosol transmission of a COVID-19 epidemic caused by 2019-nCoV Delta variant[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(3):305-309. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20211208-00961.



hotel. After the isolation discharge on October 27, and the first case caused secondary infections of four family members while living together from October 27 to November 1, 2021. **Conclusion** 2019-nCoV Delta variant is prone to cause family cluster, and close attention needs to be paid to virus transmission through ventilation duct system in isolation hotels.

【Key words】 COVID-19; 2019-nCoV; Delta variant; Aerosol; Infection source

Fund programs: Beijing Science and Technology Plan Project (Z211100002521019, Z21110000221019)

新型冠状病毒(新冠病毒)不断发生进化和变异,产生多种病毒变异株,如 Alpha (B.1.1.7)、Beta (B.1.351)、Gamma (P.1)、Delta (B.1.617.2) 和 Omicron (B.1.1.529) 等^[1]。其中 Delta 变异株于 2020 年 10 月在印度发现,2021 年 4 月在全球范围迅速传播和流行,7 月已成为全球主导毒株^[2]。由于该毒株载量高、传播力强、代际间隔短、传播速度快等流行病学特征^[3],与既往其他毒株相比,Delta 变异株更易发生气溶胶传播,给新型冠状病毒肺炎(新冠肺炎)疫情防控带来诸多挑战^[4]。本研究旨在对一起可能经气溶胶传播的 Delta 变异株聚集性疫情进行感染来源调查,分析其流行特征和传播链,为今后新冠肺炎疫情防控提供参考依据。

对象与方法

1. 研究对象:2021 年 11 月 1 日,北京市昌平区报告一起新冠病毒 Delta 变异株导致的家庭聚集性疫情,感染来源不明确。研究对象为该家庭聚集性疫情的全部 5 例新冠病毒感染者,对其进行感染来源调查。

2. 研究方法:

(1) 相关定义:①确诊病例、无症状感染者、密切接触者(密接)、密接的密接(次密)及临床分型:见《新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)》^[5];②风险点位:确诊病例发病前 14 d 至隔离治疗前、无症状感染者核酸检测阳性前 14 d 至隔离治疗前到访的地点。

(2) 流行病学调查:通过流行病学调查和大数据技术,对 5 例新冠病毒感染者进行活动轨迹核查,对活动轨迹涉及的风险点位进行密接判定,并对全部密接和环境进行采样检测。流行病学调查方法依据《新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)》^[5]。

(3) 实验室检测:①应用实时荧光 PCR 进行新冠病毒核酸检测(双试剂检测),主要针对新冠病毒基因组中开放读码框 1ab(ORF1ab)和核壳蛋白 N。 Ct 值常用于新冠病毒载量的定量, Ct 值越高载量越

低, Ct 值越低载量越高,根据 Ct 值高低和发病日期可提示病程^[6]。②应用全基因组测序技术对阳性人员和环境标本进行测序,测序结果与近期输入病例和本土病例序列进行比对。实验室检测流程和结果判定依据《新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)》^[5]。

(4) 感染来源:考虑病例发病时间、排毒周期、接触时间、接触方式、接触地点,对流行病学调查、大数据分析比对和基因测序结果进行分析,明确该起疫情的感染来源,梳理病例之间的传播链。感染来源调查技术路线与北京市顺义区、大兴区局部地区等其他新冠肺炎聚集性疫情近似^[7-8]。

3. 统计学分析:使用 WPS Office 软件进行数据录入、整理和绘图。采用描述性流行病学方法,对本起聚集性疫情相关病例的时间、地区和人群分布、流行病学史、风险点位涉及的密接和环境核酸检测结果、阳性标本基因序列进行描述,进而确定疫情的感染来源和传播链。

结果

1. 疫情概况:2021 年 10 月 31 日,北京市昌平区某社区在风险人群主动筛查标本中,发现 1 份 10 混 1 口咽拭子标本为新冠病毒核酸阳性,当日采集 10 人及其同住人员鼻咽拭子。11 月 1 日,检出其中 1 人及其家庭成员 4 人为核酸阳性,其余均为阴性,随即对病例所在社区进行封控管理、全员核酸检测。11 月 2 日,病例所在社区升级为中风险地区。11 月 16 日,病例所在社区 14 d 内无新增病例,降为低风险地区,按管控区继续 7 d 管控。11 月 23 日,全员核酸检测均为阴性,全部管控措施解除。

此次聚集性疫情未发生社区续发病例,共报告 5 例新冠病毒感染者,均通过人群主动筛查发现,分别为病例 A(首发病例,为某外省病例的次密)、A 的妻子(B)、A 的母亲(C)、A 的女儿(D)、A 的儿子(E)。病例 A~C 均接种 2 剂新冠肺炎灭活疫苗,病例 D、E 未接种疫苗。临床分型为普通型 2 例,轻型

3 例,无重型、危重型和死亡病例。

2. 流行病学特征:5 例新冠病毒感染者来自同一家庭,家庭成员全部发病,病例 A 为指示病例和首发病例,病例 B~E 为续发病例。病例 A~E 发病时间分别为 2021 年 10 月 31 日、11 月 1 日、11 月 1 日、11 月 1 日和 11 月 2 日,首次检出阳性时间均为 11 月 1 日,报告时间均为 11 月 2 日。综合分析首次核酸检测阳性 Ct 值和发病时间,推测病例 A 发病时间最早,B 其次,C~E 发病时间较晚。见表 1。

3. 感染来源:

(1) 指示病例、首发病例:病例 A,确诊病例,男,39 岁,在京居住地为昌平区某社区,某公司干部职员,与病例 B~E 共同居住。2021 年 4 月 1 日和 4 月 22 日完成第一和第二剂次新冠肺炎灭活疫苗接种。自述于 10 月 31 日出现咳嗽、发热 37.3 °C 等症状。11 月 1 日新冠病毒核酸检测阳性,当日转至定点医院。11 月 2 日,定点医疗机构确诊其为新冠肺炎普通型。

病例 A 近 14 d 内无出京史。由于其同事 T 为某外省病例的密接,病例 A 被作为次密于 10 月 22~27 日在同一隔离酒店单间集中隔离。10 月 23~27 日,采集病例 A 鼻咽拭子核酸检测结果均为阴性。同事 T 未感染新冠病毒,10 月 21~30 日鼻咽拭子的核酸检测结果均为阴性,排除同事 T 传播给病例 A 的可能。

(2) 风险点位排查:对病例 A~E 进行流行病学调查,活动轨迹分别涉及风险点位 24、6、8、0 和 11 个,密接分别为 714、291、73、0 和 329 个。对所

有风险点位的密接和环境标本进行新冠病毒核酸检测,4 件 5 混 1 家庭环境标本中 3 件为阳性,70 件病例 A 办公室环境标本中 3 件为阳性(均为病例 A 直接接触的物品),其余环境标本和所有人员标本均为阴性,排除在上述风险点位造成首发病例 A 或其家庭成员 B~E 引入该疫情的可能。见表 2。

(3) 大数据比对:对病例 A~E 发病前 14 d 至隔离治疗前的活动轨迹与既往病例进行大数据比对分析,发现病例 A 与昌平区其他病例 O、M 和 N 在同一隔离酒店有同时空交集。病例 A 于 2021 年 10 月 22~27 日在 B210 房间集中隔离,病例 O、M 和 N 均为 2021 年 10 月北京市昌平区报告的内蒙古自治区额济纳旗输入疫情相关病例,当时作为密接,分别于 10 月 22~27 日(住 B110 房间)、10 月 22~27 日(住 B106 房间)、10 月 22~31 日(住 B106 房间,病例 M 检出核酸阳性后病例 N 于 10 月 27 日转至 B115 房间)在同一酒店集中隔离。无其他有公共卫生学意义的同时空交集。

(4) 隔离酒店调查:该隔离酒店共 2 层,除上述病例外未检出其他病例,监控视频查看入住、送餐、清运垃圾、消毒和采样等环节,未发现首发病例 A 与 O、M 和 N 有接触。病例 O 于 10 月 22~27 日在 B110 房间集中隔离,10 月 25 日发病,10 月 27 日检出新冠病毒核酸阳性;11 月 1 日采集 B110 房间 30 件环境标本,7 件核酸阳性。病例 A 居住在 B210 房间,在 B110 房间正上方,2 个房间的卫生间均没有排风扇,只有一个开口的通风管道上下相通,楼顶没有强排设施。见图 1。11 月 1 日采集

表 1 5 例新型冠状病毒感染者基本特征

病例编号	病例关系	性别	年龄(岁)	职业	临床分型	发病日期	首次核酸检测阳性日期	首次核酸检测阳性 Ct 值			
								A 试剂 (ORF1ab)	A 试剂 (核壳蛋白 N)	B 试剂 (ORF1ab)	B 试剂 (核壳蛋白 N)
A	本人	男	39	干部职员	普通型	2021/10/31	2021/11/01	12.26	15.41	14.85	14.23
B	妻子	女	39	教师	普通型	2021/11/01	2021/11/01	19.04	19.96	19.13	20.29
C	母亲	女	63	家务及待业	轻型	2021/11/01	2021/11/01	35.87	35.63	34.60	35.69
D	女儿	女	3	散居儿童	轻型	2021/11/01	2021/11/01	27.46	28.35	27.23	28.68
E	儿子	男	12	学生	轻型	2021/11/02	2021/11/01	阴性	38.22	阴性	阴性

注:ORF1ab:开放读码框 1ab

表 2 5 例新型冠状病毒感染者的风险点位密接及环境采样核酸检测

病例编号	病例关系	风险点位数(个)	风险点位密接数(个)	人员核酸检测	环境样本核酸检测
A	本人	24	714	阴性	4 件 5 混 1 家庭环境标本中 3 件阳性,70 件办公室环境标本中 3 件阳性,其余均为阴性
B	妻子	6	291	阴性	阴性
C	母亲	8	73	阴性	阴性
D	女儿	0	0	阴性	阴性
E	儿子	11	329	阴性	阴性

B210 房间 31 件环境标本,均为阴性;11 月 2 日采集 B210、B110 房间卫生间通风、排污管道 20 件环境标本,其中 B110 房间卫生间通风管道内壁深部 2 件核酸阳性(C_t 值:阳性标本 1:ORF1ab 为 25.80、核壳蛋白 N 为 28.38;阳性标本 2:ORF1ab 为 32.83、核壳蛋白 N 为 35.65),其余均为阴性。

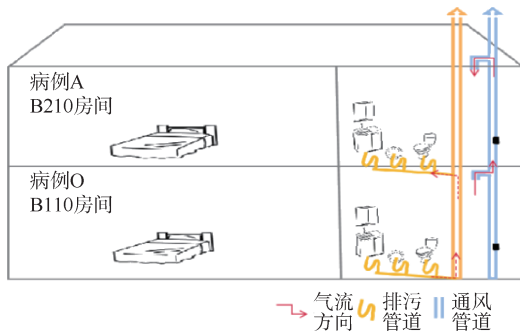


图 1 隔离酒店建筑物通风、排污管道及气流方向示意图

(5) 基因测序:经序列测定,共获得 9 条新冠病毒全基因组序列。序列比对结果显示,病例 A~E、O 的病毒核苷酸相似度为 100%,均属于 Delta 变异株(B.1.617.2),为同一传播链。同时与病例 O 所住 B110 房间卫生间的 1 件通风管道内壁深部环境标本的病毒核苷酸相似度也为 100%。但与病例 M、N 的病毒核苷酸相似度为 99.997%,存在 1 个核苷酸突变位点差异。

(6) 传播链:此次疫情为单一传播链,感染来源为病例 O。2021 年 10 月 22~27 日,病例 O(住 B110 房间)隔离期间可能通过上下楼层通风管道气溶胶传播,造成病例 A(住同一隔离酒店 B210 房间)感染。10 月 27 日病例 A 解除隔离回家,11 月 1 日首次检出核酸阳性并隔离治疗。10 月 27 日至 11 月 1 日病例 A 与家庭成员 B~E 共同居住,期间造成 4 名家庭成员续发感染,传播链见图 2。

讨 论

新冠病毒的传播途径主要包括飞沫传播、接触传播和气溶胶传播,其中关于气溶胶传播的研究较少。本研究发现气溶胶传播是新冠病毒重要的传播途径之一,首发病例 A 可能通过隔离酒店卫生间的通风管道造成气溶胶传播,主要依据:第一,病例 A 在酒店隔离期间与感染来源病例 O 所住房间为上下楼层,公用通风管道,2 个隔离房间的卫

生间通风管道存在气流流动;第二,2 个隔离房间卫生间的通风、排污管道 20 件环境标本中,2 件通风管道内壁深部环境标本核酸阳性,且与病例 A、O 的病毒核苷酸相似度为 100%;第三,病例 O 于 10 月 25 日发病,居住房间 30 件环境标本 7 件核酸阳性,病例 A 房间 31 件环境标本均阴性,提示病例 O 产生的气溶胶造成通风管道内壁环境污染;第四,监控视频查看隔离酒店入住、送餐、清运垃圾、环境消杀和采样环节,未发现其他交叉传播可能;同时,流行病学调查和大数据比对分析均排除病例 A 及其家庭成员 B~E 在其他地点引入该疫情的可能。

由于新冠病毒气溶胶传播的隐匿性,首发病例 A 在与感染来源没有直接接触的情况下通过气溶胶传播而感染,解除隔离后导致其他 4 名家庭成员在共同居住期间感染。研究表明,气溶胶传播距离远远超过飞沫传播的 1~2 m,甚至可达 8 m^[9];气溶胶中新冠病毒可存活 3 h,提示可以导致 3 h 内同密闭空间的非直接接触人员感染^[10];室内密闭空间可能导致超级传播事件,如中国吉林省通化市“1 传 141”传播事件^[11]、“钻石公主号”传播事件^[12]和美国斯卡吉特山谷合唱团传播事件^[13]。可见气溶胶传播距离远、影响时间长、感染人数多,疫情防控难度大。

由于病毒气溶胶检测难度大,气溶胶传播的案例报道较少。既往研究发现通过排污管道造成上下楼层传播、公共交通工具传播、餐馆内部传播和建筑物内部传播等气溶胶传播事件^[14-20]。中国广州市^[14]、韩国^[15]等地区均发现由于排污管道口封闭性差,通过卫生间排污管道造成上层住户感染。中国广州市 Delta 变异株聚集性疫情期间发现通过“握手楼”门窗造成气溶胶传播,模拟实验显示只要

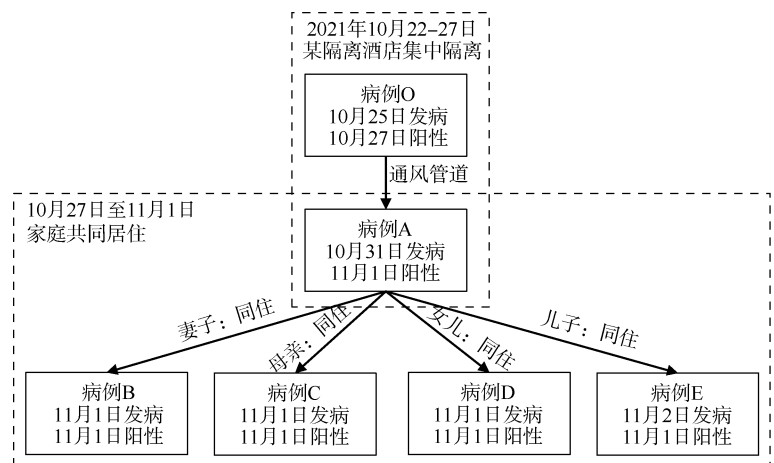


图 2 北京市昌平区一起家庭聚集性新型冠状病毒肺炎疫情的传播链

隔离病房的门打开,“握手楼”外墙距离仅为 0.51 m 的走廊内颗粒物浓度迅速升高^[16]。新冠病毒传播主要与病例病程、排毒活动、通风情况、人员密集程度、接触时间以及个人防护等因素相关^[17],餐馆、出租车、教堂等室内密闭空间在特定条件下容易造成气溶胶传播^[18-20]。当前主要流行毒株为 Delta 变异株,该变异株病毒载量高,气溶胶传播的风险大大增加^[5]。因此,提示应加强对密闭场所的疫情防控措施。

本研究发现该隔离酒店老旧,通风管道上下相通,通风管道口敞开,在病例离开 5 d 后仍能在通风管道内壁深部检出 2 件环境阳性标本,其中 1 件阳性标本 Ct 值较低,ORF1ab 为 25.80、核壳蛋白 N 为 28.38。有研究显示,Ct 值越低提示病毒载量越高,传染性越强^[6]。这些结果表明,病例 O 在隔离酒店期间通过呼吸、说话、咳嗽、排泄等过程产生气溶胶^[21],并在通风管道内部沉降富集,在阴冷潮湿的通风管道内存活时间较长。因此,要加强对隔离酒店、病例同单元住户的管理,通过工程改造、优化流程和加强监测降低建筑物内部气溶胶传播风险。

本研究存在局限性。由于发现此次家庭聚集性疫情的时间距离首发病例解除隔离时间已有 5 d,未能采集到隔离酒店房间的气溶胶标本,导致本研究缺乏气溶胶标本的直接结果。不过本研究取得关键间接证据,即隔离房间卫生间的 2 件通风管道内壁深部环境涂抹标本阳性,且与首发病例 A、感染来源病例 O 的病毒核苷酸相似度为 100%。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

志谢 感谢北京市疾病预防控制中心和昌平区疾病预防控制中心现场调查组和检测组,北京市市级流调队

作者贡献声明 吴双胜:实施研究、数据收集、论文撰写;张姣姣、孙瑛、任正勇、窦相峰、张莉、段玮、马春娜:实施研究、数据整理、统计学分析;杨鹏、庞星火:研究指导、论文修改、经费支持

参 考 文 献

- Torjesen I. Covid-19: omicron may be more transmissible than other variants and partly resistant to existing vaccines, scientists fear[J]. BMJ, 2021, 375: n2943. DOI: 10.1136/bmj.n2943.
- 杜敏, 刘民, 刘珏. 新型冠状病毒 Delta 变异株的流行病学特征及防控研究进展[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(10): 1774-1779. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210808-00619.
- Du M, Liu M, Liu J. Progress in research of epidemiologic feature and control of SARS-CoV-2 Delta variant[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(10): 1774-1779. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210808-00619.
- Zhang M, Xiao JP, Deng AP, et al. Transmission dynamics of an outbreak of the COVID-19 delta variant B.1.617.2-Guangdong province, China, May-June 2021[J]. China CDC Wkly, 2021, 3(27):584-586. DOI:10.46234/ccdcw2021.148.
- Mikszewski A, Stabile L, Buonanno G, et al. Increased close proximity airborne transmission of the SARS-CoV-2 Delta variant[J/OL]. Sci Total Environ, 2021:151499. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.151499.(published online ahead of print).
- 国务院应对新型冠状病毒肺炎疫情联防联控机制综合组. 关于印发新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)的通知[EB/OL]. (2021-05-14)[2022-01-05]. http://www.nhc.gov.cn/kj/s3577/202105/6f1e8ec6c4a540_d99fafef52fc86.d0f8.shtml.
- 吴双胜, 潘阳, 孙瑛, 等. 新型冠状病毒肺炎病例呼吸道病毒载量与密切接触者续发风险的关系[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(6): 1008-1011. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210224-00141.
- Wu SS, Pan Y, Sun Y, et al. Relationship between respiratory viral load of cases of COVID-19 and secondary attack risk in close contacts[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(6): 1008-1011. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210224-00141.
- 吴双胜, 潘阳, 段玮, 等. 北京市一起境外输入无症状感染者相关新冠肺炎聚集性疫情的溯源调查[J]. 国际病毒学杂志, 2021, 28(3):187-191. DOI:10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2021.03.003.
- Wu SS, Pan Y, Duan W, et al. Tracing infection source of an outbreak in Beijing caused by an imported asymptomatic case of COVID-19[J]. Int J Virol, 2021, 28(3):187-191. DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673-4092.2021.03.003.
- 吴双胜, 马春娜, 张莉, 等. 全国首起新型冠状病毒 Alpha 变异毒株相关本地疫情的溯源调查[J]. 中华预防医学杂志, 2021, 55(11): 1311-1315. DOI: 10.3760/cma.j.cn112150-20210727-00710.
- Wu SS, Ma CN, Zhang L, et al. Survey on source of infection of the first local outbreak caused by SARS-CoV-2 Alpha variant in China[J]. Chin J Prev Med, 2021, 55(11): 1311-1315. DOI:10.3760/cma.j.cn112150-20210727-00710.
- Bahl P, Doolan C, de Silva C, et al. Airborne or droplet precautions for health workers treating coronavirus disease 2019? [J/OL]. J Infect Dis, 2020: jiaa189. DOI: 10.1093/infdis/jiaa189. (published online ahead of print).
- van Doremalen N, Bushmaker T, Morris DH, et al. Aerosol and surface stability of SARS-CoV-2 as compared with SARS-CoV-1[J]. N Engl J Med, 2020, 382(16): 1564-1567. DOI:10.1056/NEJMc2004973.
- Yao LS, Luo MY, Jia TW, et al. COVID-19 super spreading event amongst elderly individuals-jilin province, China, January 2021[J]. China CDC Wkly, 2021, 3(10): 211-213. DOI:10.46234/ccdcw2021.050.
- Azimi P, Keshavarz Z, Laurent JG, et al. Mechanistic transmission modeling of COVID-19 on the Diamond Princess cruise ship demonstrates the importance of aerosol transmission[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2021, 118(8):e2015482118. DOI:10.1073/pnas.2015482118.
- Miller SL, Nazaroff WW, Jimenez JL, et al. Transmission of SARS-CoV-2 by inhalation of respiratory aerosol in the Skagit Valley Chorale superspreading event[J]. Indoor Air, 2021, 31(2):314-323. DOI:10.1111/ina.12751.
- Kang M, Wei JJ, Yuan J, et al. Probable evidence of fecal aerosol transmission of SARS-CoV-2 in a high-rise building[J]. Ann Intern Med, 2020, 173(12):974-980. DOI: 10.7326/M20-0928.
- Hwang SE, Chang JH, Oh B, et al. Possible aerosol transmission of COVID-19 associated with an outbreak in an apartment in Seoul, South Korea, 2020[J]. Int J Infect Dis, 2021, 104:73-76. DOI:10.1016/j.ijid.2020.12.035.
- Zhang ZN, Li X, Wang Q, et al. Field simulation of aerosol transmission of SARS-CoV-2 in a special building layout-Guangdong province, China, 2021[J]. China CDC Wkly, 2021, 3(34):711-715. DOI:10.46234/ccdcw2021.176.
- Jones NR, Qureshi ZU, Temple RJ, et al. Two metres or one: what is the evidence for physical distancing in COVID-19? [J]. BMJ, 2020, 370:m3223. DOI:10.1136/bmj.m3223.
- Li YG, Qian H, Hang J, et al. Probable airborne transmission of SARS-CoV-2 in a poorly ventilated restaurant[J]. Build Environ, 2021, 196: 107788. DOI: 10.1016/j.buildenv.2021.107788.
- Lednický JA, Lauzardo M, Alam MM, et al. Isolation of SARS-CoV-2 from the air in a car driven by a COVID patient with mild illness[J]. Int J Infect Dis, 2021, 108: 212-216. DOI:10.1016/j.ijid.2021.04.063.
- Katellaris AL, Wells J, Clark P, et al. Epidemiologic evidence for airborne transmission of SARS-CoV-2 during church singing, Australia, 2020[J]. Emerg Infect Dis, 2021, 27(6): 1677-1680. DOI:10.3201/eid2706.210465.
- Wang CC, Prather KA, Sznitman J, et al. Airborne transmission of respiratory viruses[J]. Science, 2021, 373(6558):eabd9149. DOI:10.1126/science.abd9149.