·新型冠状病毒肺炎疫情防控·

北京市一起冷链相关新型冠状病毒Delta变异株聚集性疫情的溯源调查

吴双胜[1]　任振勇[1]　孙瑛[1]　张姣姣[1]　赵海[2]　窦相峰[1]　马春娜[1]　贾蕾[1]　杨鹏[3]　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 100013；[2]北京市疾病预防控制中心学校卫生所，北京 100013；[3]北京市疾病预防控制中心办公室，北京 100013

通信作者：杨鹏，Email：yangpengcdc@163.com

【摘要】 目的　对北京市一起冷链相关新型冠状病毒（新冠病毒）Delta变异株聚集性疫情进行溯源调查，分析其感染来源和传播链。**方法**　应用流行病学调查方法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**　2022年1月18日至2月6日，共报告112例新冠病毒感染者，除1例待查外，其余111例存在明确的流行病学关联。感染来源为进口冷冻货品外包装，2021年1月进口冷冻货品捕捞后储存于东南亚地区某国冷库，2021年6月包装后发送到我国北京市A区A冷库存储，随后分批次于2022年1月起在B区B冷库贴标销售，首发病例在搬运阳性冷冻货品期间发生感染，继而造成共同工作、就餐和居住在B冷库及其毗邻的C冷库和D餐厅（两库一店）所在区域的人员感染，涉及77例两库一店直接相关病例。在两库一店区域外还造成16个传播支链，涉及35例病例。**结论**　本起疫情提示进口冷链货品外包装污染输入疫情的风险，应继续加强冷链行业管理。

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

基金项目：北京市科技计划（Z211100002521019，Z211100000221019）；北京市优秀人才培养资助（2018000021469G297）

Survey on infection source of a cold-chain product associated COVID-19 epidemic caused by 2019-nCoV Delta variant in Beijing

Wu Shuangsheng[1], Ren Zhenyong[1], Sun Ying[1], Zhang Jiaojiao[1], Zhao Hai[2], Dou Xiangfeng[1], Ma Chunna[1], Jia Lei[1], Yang Peng[3], Pang Xinghuo[3]

[1] Institute for Infectious Disease and Endemic Disease Control, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing 100013, China; [2] Institute for School Health, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing 100013, China; [3] Central Office, Beijing Center for Disease Prevention and Control, Beijing 100013, China

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

【Abstract】 Objective　To investigate the source and the transmission chain of a cold-chain product associated COVID-19 epidemic caused by 2019-nCoV Delta variant in Beijing. **Methods**　Epidemiological investigation were used to verify the exposure points of the cases. Close contacts were traced from the exposure points, and human and environmental samples were collected for nucleic acid tests. Positive samples were analyzed by gene sequencing. **Results**　A total of 112 cases of COVID-19 were reported in the epidemic from January 18 to February 6, 2022 in Beijing. Except

DOI：10.3760/cma.j.cn112338-20220228-00157

收稿日期　2022-02-28　　**本文编辑**　斗智

引用格式：吴双胜, 任振勇, 孙瑛, 等. 北京市一起冷链相关新型冠状病毒Delta变异株聚集性疫情的溯源调查[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(8): 1230-1236. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220228-00157.

Wu SS, Ren ZY, Sun Y, et al. Survey on infection source of a cold-chain product associated COVID-19 epidemic caused by 2019-nCoV Delta variant in Beijing[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(8): 1230-1236. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20220228-00157.

for 1 case was uncertain, there were epidemiological links among 111 cases. The source of infection was the packages of imported cold-chain products from Southeast Asia, which were harvested and stored in a local cold-storage in January 2021, and packaged and sent to the cold-storage A in A district in June 2021, and then sold in batches in cold-storage B in B district from January 2022. The first case was infected in the handling of positive frozen products, and then 77 cases occurred due to working, eating and living together with the index case in the cold-storage B, cold-storage C and restaurant D. Besides the cold-storage B, C and the restaurant D, there were 16 sub-transmission chains, resulting in additional 35 cases. **Conclusion** The epidemic indicated that the risk of 2019-nCoV infection from imported cold-chain products contaminated by package and highlighted the importance to strengthen the management of cold-chain industry in future.

【**Key words**】 COVID-19; 2019-nCoV; Delta variant; Cold-chain; Source of infection

Fund programs: Beijing Science and Technology Plan Project (Z211100002521019, Z211100000221019); Beijing Excellent Talents Training Fund (2018000021469G297)

新型冠状病毒(新冠病毒)在全球引起大流行,“外防输入、内防反弹”是我国新型冠状病毒肺炎(新冠肺炎)的防控策略。有研究发现,新冠病毒在低温条件下存活时间较长[1],北京市新发地市场疫情首次提示新冠病毒通过污染的冷链可能感染[2],随后多次发现进口冷链货品导致我国本地疫情,且从进口冷链货品表面分离出活病毒[3]。与既往其他毒株相比,Delta和Omicron变异株的病毒载量较高[4],更易通过被新冠病毒污染的物品感染人(物传人),给新冠肺炎疫情防控带来挑战。本研究分析北京市一起冷链相关新型冠状病毒Delta变异株聚集性疫情的流行特征和传播链,为北京市新冠肺炎疫情防控提供参考依据。

对象与方法

1. 研究对象:2022年1-2月北京市报告一起冷链相关Delta变异株聚集性疫情,涉及112例新冠病毒感染者。确诊病例或无症状感染者根据网络直报的报告时间先后编码为病例1~112。

2. 研究方法:

(1)流行病学调查(流调)[5]:通过流调方法和大数据技术,对112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切接触者(密接)判定,并对全部密接和环境进行采样检测。

(2)相关定义:①确诊病例、无症状感染者、密接、密接的密接(次密接)和临床分型:根据文献[5]。②两库一店:即B冷库及其毗邻的C冷库和D餐厅所在区域,是本起疫情的暴发点,位于B区某街道。③暴露地点:两库一店直接相关病例:共同工作、就餐或居住在两库一店的病例。④续发病例:小区内续发:同一小区或同一单元病例且无其他明确接触史的病例;同住、公共场所、工作场所和隔离点续发:在共同居住、公共场所、工作场所和隔离点感染的病例。⑤待查病例:感染来源尚不完全明确的病例。⑥发现方式:主动检测:因出京、就诊等需求的愿检尽检人员;社区筛查:全区筛查、管控区域筛查等;行业单位筛查:各行各业按方案要求开展的定期检测。⑦居家隔离:采样检出阳性时处于居家隔离状态。⑧集中隔离:采样检出阳性时处于集中隔离状态。

(3)实验室检测[5]:①新冠病毒核酸检测:采用实时荧光RT-PCR法检测新冠病毒基因组中开放读码框1ab(ORF1ab)和N基因(试剂盒由广州达安基因股份有限公司生产)。②新冠病毒全基因组测序:将核酸阳性人员和环境标本的测序结果与近期输入病例及本地病例的病毒序列进行比对。③应用化学发光法检测核酸阳性者的血清IgM和IgG抗体。

(4)感染来源分析: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综合分析,明确本起疫情的感染来源,梳理病例之间的传播链。感染来源的调查技术路线与北京市顺义区、大兴区等其他新冠肺炎聚集性疫情近似[6-8]。

3. 统计学分析:采用WPS Office 2019软件进行数据录入、整理和绘图。采用描述流行病学方法,对本起聚集性疫情相关病例的时间、地区和人群分布进行描述,分析重点病例的流行病学史及传播链,绘制病例传播关系图。计量资料符合正态分布的采用$\bar{x}\pm s$描述,偏态分布则采用$M(Q_1,Q_3)$描述,计数资料采用例数、构成比或比例(%)描述。

结　果

1. 疫情基本情况：共报告 112 例新冠病毒感染者（确诊病例 100 例和无症状感染者 12 例）。临床分型为普通型、轻型和无症状感染者分别为 61、39 和 12 例。

流调过程：2022 年 1 月 18 日，朝阳区报告指示病例；19 日，A 区和 B 区在冷链从业人员常规筛查中检出阳性病例；20 日，经流调溯源锁定经冷链货品引入疫情的可能，发现疫情暴发点为两库一店，应用电子围栏查找 1 月 1 日至封控之前曾经到访两库一店区域的人员，圈定 29.6 万高风险人员，开展落位排查，第 1、4、7 和 14 天进行核酸检测，两库一店区域直接相关病例均在 29.6 万人中；22 日，河北省等省份发现外溢病例，对高风险人群较多的全市小区进行核酸筛查；23 日，第 1 轮丰台区大规模核酸筛查 155 万，均为阴性；25 日，第 2 轮丰台区大规模核酸筛查 182 万，均为阴性；26–27 日，第 3 轮丰台区大规模核酸筛查 174 万，发现 1 例社区传播病例（病例 71）；28 日，对高风险人群的两库一店工作人员进行集中隔离；29 日，第 4 轮丰台区大规模核酸筛查 159 万，均为阴性；2 月 6 日，报告最后 1 例病例，本轮疫情结束。见图 1。

2. 流行病学特征：

（1）时间分布：112 例新冠病毒感染者中，病例报告时间为 2022 年 1 月 18 日至 2 月 6 日（持续 19 d），报告高峰时间有 3 个，均间隔 4 d。发病时间为 2021 年 1 月 6 日至 2 月 5 日，发病高峰时间有 3 个（间隔 4~5 d）。100 例确诊病例中，发病与检测的时间间隔 $M(Q_1,Q_3)$ 为 0（0，1）d。见图 1。

（2）地区分布：现住址为丰台区 78 例（69.6%）、朝阳区 10 例（8.9%）、大兴区 9 例（8.0%）、房山区 6 例（5.4%）、西城区 7 例（6.3%）和北京经济技术开发区 2 例（1.8%），涉及 22 个乡（镇）街道，其中，丰台区玉泉营街道（58 例，51.8%）和新村街道的病例数位居前两位（11 例，9.8%）。

（3）人群分布：男女性分别为 87 和 25 例；年龄 $M(Q_1,Q_3)$ 为 44（35，53）岁，其中≤17、18~和≥60 岁分别为 5 例（4.5%）、100 例（89.3%）和 7 例（6.2%）；工人及商业服务、无业或退休、干部职员和学生分别为 92 例（82.1%）、11 例（9.8%）、3 例（2.7%）和 6 例（5.4%）。

（4）暴露地点：两库一店、同住人员、小区内感染、工作场所、公共场所、隔离点与待查分别为 77 例（68.7%）、17 例（15.2%）、8 例（7.1%）、4 例（3.6%）、4 例（3.6%）、1 例（0.9%）与 1 例（0.9%）。

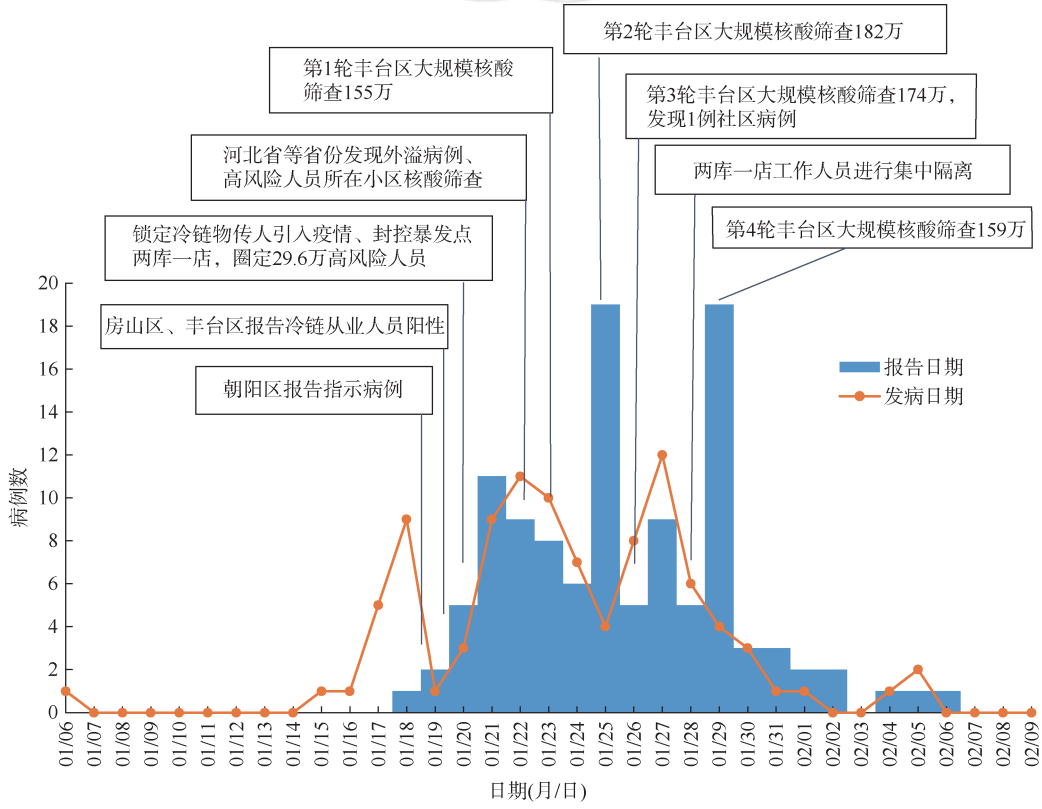


图 1　2022 年 1–2 月北京市一起冷链相关新型冠状病毒 Delta 变异株聚集性疫情的报告时间和发病时间分布

111 例存在明确的流行病学关联，1 例待查是 1 月 18 日报告的指示病例，感染的新冠病毒属于较早期病毒，2022 年 1 月 15 日可能与两库一店相关人员同乘公交车。1 月 21 日之前报告的大部分病例为两库一店直接相关人员。见图 2。

（5）发现方式：集中隔离、居家隔离、行业单位筛查、社区筛查和主动检测分别为 42 例（37.5%）、46 例（41.1%）、6 例（5.4%）、11 例（9.8%）和 7 例（6.3%）。行业单位筛查的 6 例均为早期报告的冷链从业人员，其中 5 例为冷库搬运工，1 例为冷库附近核酸检测点安全员；社区筛查的 11 例分别为某商场保洁 1 例（全区筛查）、某核酸检测点检测对象 1 例（健康宝弹窗）、两库一店人员 9 例（管控区域或管控人群筛查）；主动检测的 7 例分别为指示病例 1 例（出京需求）、某医疗机构 1 例（就诊需求）、某物流企业工人 2 例（愿检尽检）、两库一店人员 3 例（有两库一店接触史）。1 月 28 日以后报告病例均为集中隔离或居家隔离人员。见图 3。

3. 感染来源和传播链：

（1）重点病例调查：排查未发现与有病例报告地区的交集；同时与全国病例和入境人员进行比对，未发现有流行病学关联的轨迹交集。2022 年 1 月 19–20 日（早期报告）的 7 例病例均为冷库从业人员，其中 5 例为冷库搬运工，均在 B 区 B 冷库和 A 区 A 冷库共同搬运过进口冷冻货品（进口冷冻海产品）。病例 2 的发病时间最早，作为首发病例，2022 年 1 月 6 日发病，19 日新冠病毒核酸阳性，20 日定点医疗机构检测核酸阴性，被发现时处于病程晚期，已接种 3 针新冠病毒疫苗（末次接种时间为 2021 年 10 月 30 日），血清 IgM 抗体 S/CO 值< 1.00，IgG 抗体 S/CO 值为 82.55。见表 1。

（2）冷库外环境监测：对早期病例工作的冷库中的进口冷冻货品（包括冷冻货品及其包装）及外环境采样，其中 A 区 A 冷库 2 354 件外环境标本，

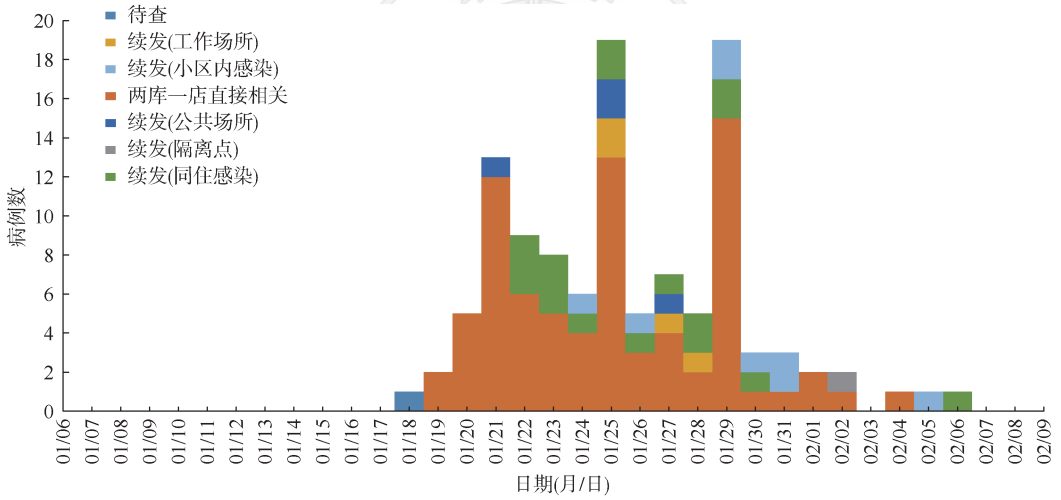


图 2　2022 年北京市一起冷链相关新型冠状病毒 Delta 变异株聚集性疫情病例暴露地点的时间分布

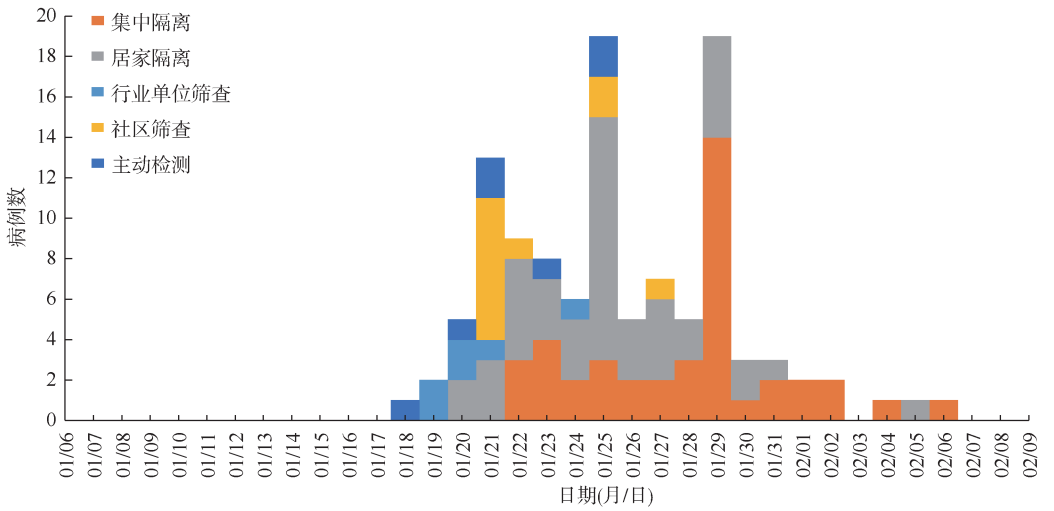


图 3　2022 年北京市一起冷链相关新型冠状病毒 Delta 变异株聚集性疫情病例发现方式的时间分布

表1　北京市一起冷链相关新型冠状病毒Delta变异株聚集性疫情5例重点病例疫苗接种、核酸检测和血清抗体

编号	性别	年龄	新型冠状病毒疫苗		首次核酸阳性检测*Ct*值			入院后首次核酸检测*Ct*值			血清抗体S/CO值	
			接种剂次	末次接种时间（2021年）	检测日期（2022年）	ORF1ab基因	N基因	检测日期（2022年）	ORF1ab基因	N基因	IgM抗体	IgG抗体
首发病例（病例2）	男	34	3	10月30日	1月18日	27.21	26.97	1月19日	阴性	阴性	<1.00	82.55
病例3	男	53	3	10月30日	1月18日	18.28	15.81	1月19日	28.16	25.98	<1.00	21.88
病例4	男	32	3	10月28日	1月18日	26.00	24.00	1月20日	23.47	21.13	<1.00	28.55
病例5	男	51	3	10月28日	1月19日	23.24	22.84	1月20日	26.19	23.59	<1.00	2.79
病例6	男	45	3	12月17日	1月19日	31.99	29.84	1月20日	22.74	20.52	<1.00	11.39

注：IgM和IgG抗体S/CO值<1即为阴性；ORF1ab：开放读码框1ab

27件阳性，B区B冷库265件和B区C冷库147件外环境标本，6件阳性，在这33件阳性环境标本中，3件为进口冷冻货品，来自6个人共同工作过的A区A库房。重点采集A库房进口冷冻货品内容物及外包装涂抹标本286件，21件进口冷冻货品外包装阳性，其余均为阴性。经现场调查发现进口冷冻货品以垛为单位，各个外包装之间重叠存放，储备转运过程使用叉车，垛的内部货品外包装在进入我国后不存在被污染的可能。

（3）新冠病毒全基因组测序分析：获取103例病例（含首发病例和指示病例）和1件冷冻阳性货品外包装环境标本的全基因组序列，均属于Delta变异株（AY.30进化分支），为同一传播链，其中13例病例出现病毒基因突变，包括病例7（子代分支1）、病例11和29（子代分支2）、病例23、47和99（子代分支3）、病例60（子代分支4）、病例58（子代分支5）、病例59（子代分支6）、病例77（子代分支7）、病例90（子代分支9）、病例97和91（子代分支8）。与全球流感共享数据库（GISAID）比对结果显示，相似度最高的是东南亚采样日期为2021年6月的1条病毒序列，共享36个突变位点，差异3个突变位点；在近期国内本地病例、输入病例和全球新冠病毒数据库中，均未找到高度同源的序列，该病毒变异位点数量明显少于此次疫情发生时全球流行的Delta变异株，提示为较早期的病毒毒株，由近期Delta变异株经人传播引入的可能性较低，经进口冷链货品引入的可能性较大。

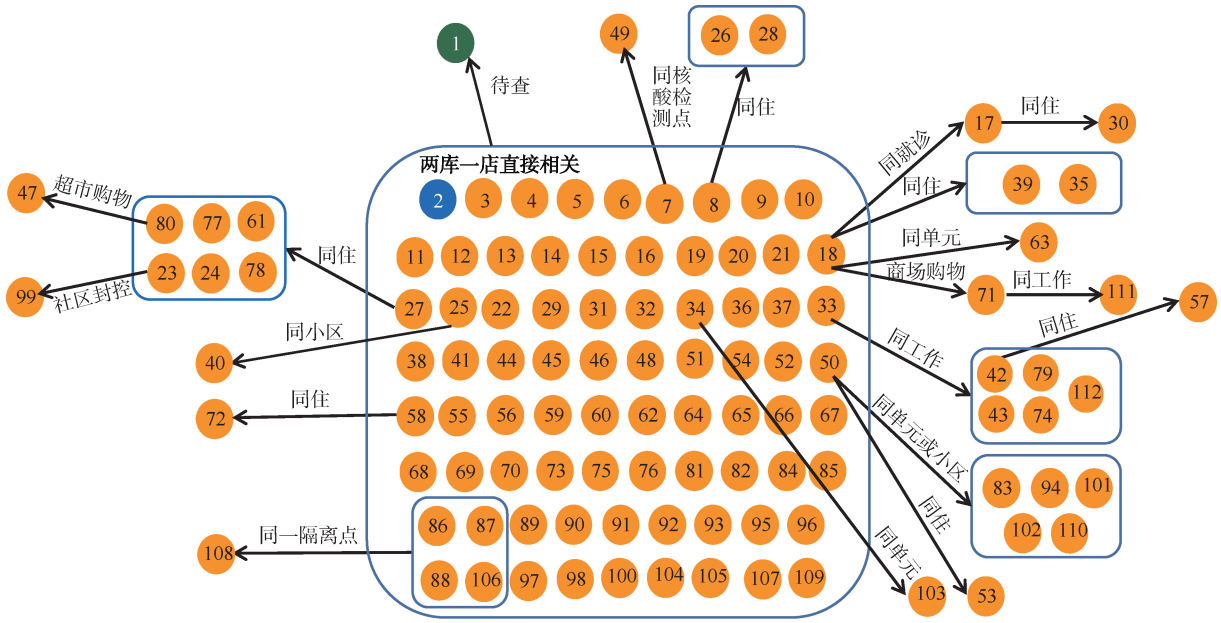
（4）感染来源：排查阳性进口冷冻货品后发现，北京市其他冷库未发现该批次冷冻货品。该批次阳性冷冻货品于2021年1月捕捞后储存于东南亚地区某国冷库，2021年6月包装后发送到我国北京市A区A冷库存储，随后分批次于2022年1月起在B区B冷库贴标销售。在搬运、操作过程中发生物传人导致首发病例感染，随后在共同工作的工友中传播，首发病例和工友又多次前往毗邻的C冷库装卸货物、在D餐厅就餐，继而以两库一店区域为疫情暴发点导致疫情传播。

（5）传播链：为同一传播链。2022年1月初首发病例在搬运阳性进口冷冻货品期间发生感染，继而造成共同工作、就餐、居住在两库一店区域的人员感染，共涉及77例两库一店直接相关病例。在两库一店区域外造成16个传播支链，涉及35例两库一店间接相关病例。见图4。

讨　论

本起疫情涉及本地病例较多且复杂。疫情暴发点的两库一店人群密集，人员交叉，多为临时工，底数不清，追踪风险人群难度极大；疫情发生时正值春节期间，人员跨区域流动强，跨区和跨省的外溢风险较大。2022年1月20日发现疫情暴发点为两库一店，随即应用大数据技术圈定1月1日至封控前到访过两库一店区域人员，早期病例均在圈定的29.6万高风险人员中；1月20日以后仍以两库一店直接相关病例为主，且居家隔离和集中隔离比例逐步增加，1月28日之后报告病例均为集中隔离或居家隔离人员；3个发病高峰之间均间隔4~5 d，相当于Delta变异株1个平均潜伏期，且3个高峰的发病人数未见持续增加，发病与检测时间间隔$M(Q_1, Q_3)$为0（0，1）d。据此认为大数据技术圈定风险人群能有效避免疫情由暴发点向社会面快速传播，适用于人群密集且底数不清的疫情暴发点，在新发地疫情期间也被成功应用过[9]。另外，疫情较为严重的丰台区开展了4轮全区核酸筛查，在第3轮发现1例病例，为某商场保洁员，基本摸清了新冠病毒感染者的底数，但第2轮与第3轮连续开展造成核酸检测压力。

本研究证明，经冷链货品外包装污染可传播新



注：数字序号：病例报告时间顺序；绿色：指示病例；蓝色：首发病例；橙色：其他病例

图 4　2022 年北京市一起冷链相关新型冠状病毒 Delta 变异株聚集性疫情的传播链

冠病毒，主要依据：一是全基因组测序显示所有病例均属于 Delta 变异株（AY.30 进化分支），变异位点数量明显少于当时流行的 Delta 变异株，与近期本地病例和输入病例数据库比对，均未发现高度同源的序列。二是发病较早病例均为冷库工作人员，涉疫进口冷冻货品外包装检出阳性，与病例序列一致，且排除外包装在我国境内被污染的可能。三是该批次阳性冷冻货物于 2021 年 6 月从东南亚地区包装出发，进入我国北京市 A 区 A 冷库存储，随后分批次于 2022 年 1 月起在 B 区 B 冷库贴标销售。从境外启运时间地点与全球相似度最高的病毒时间和来源完全一致。四是低温能够延长冠状病毒的存活时间[1]。同时排查其他冷库未发现此批次冷冻货物。因此，可认定冷冻货品外包装污染是此次疫情的感染来源，流行病学和实验室证据均较为充分，应继续加强冷链行业管理包括人员登记、健康监测和核酸筛查等。有研究认为通过冷链货品污染造成物传人的风险很小，终端消费人群未见报道，但在冷链职业人群中多次报道，如北京市新发地市场冷链海产品售卖员、大连市某水产品公司员工和青岛港冷链装卸工等[2,10-11]，尤其北京市新发地市场疫情的溯源结论直接推动我国出台“人物同防”的疫情防控策略。除了冷链外，接触病毒污染的常温物品可造成感染。常温条件下新冠病毒在不同材质物体表面的存活时间存在差异，同时 Omicron 变异株在物体表面存活较其他毒株更稳定[12-13]，有研究发现被新冠病毒污染的国际邮件会导致物传人[14]。

本起疫情的 112 例病例为同一传播链，其中 77 例与疫情暴发点两库一店直接相关，但由于 77 例病例人员集中、交叉、活动交织等原因，未能完全确定个人与个人之间的一一传播关系。两库一店之外的 35 例病例涉及 16 个传播支链，主要包括同住（17 例）、同小区（8 例）、同工作（4 例）、同公共场所（4 例）、同一核酸检测点（1 例）等传播关系。病例同住、同工作人员发病风险较高，与既往研究基本一致[15]。本起疫情中，小区内感染病例较多，且多为同单元病例，其中多个病例存在上下楼层关系，提示公用楼道或相邻楼层的气溶胶传播风险[16-18]。在小区内感染病例中，1 例社区工作人员在小区楼门封控期间与其他病例接触感染，另有 1 例隔离点工作人员感染，其他地区也有类似报道，均提示各类职业暴露风险以及封控区、管控区、医疗机构、隔离点工作人员应加强个人防护与管理[19-20]。公共场所 4 例病例分别为某医疗机构就诊人员、某核酸检测点检测对象、某超市工作人员、某商场保洁，回顾性调查发现上述 4 例与上一代病例均为陌生关系，存在时空交集。扫码支付和视频信息的不完整性导致追溯同时空人员较为困难，某医疗机构就诊人员和某商场保洁分别通过主动检测和全区筛查途径发现，提示追溯有时空交集的人员是当前“动态清零”防控的薄弱环节，亟待进一步

加强。

综上所述，本起疫情提示进口冷链货品外包装污染输入疫情的风险，应继续加强冷链行业管理；发现同一单元内部传播、社区和隔离点工作人员的职业暴露和公共场所存在同时空的暴露风险。及时锁定人员较为密集与底数不清的两库一店为疫情暴发点，应用大数据技术圈定各种风险人群，有效避免疫情由暴发点向社会面的快速传播。

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、丰台区疾病预防控制中心、房山区疾病预防控制中心、朝阳区疾病预防控制中心、大兴区疾病预防控制中心、西城区疾病预防控制中心和北京经济技术开发区疾病预防控制中心的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、经费支持；任振勇、孙瑛、张姣姣、赵海、窦相峰、马春娜：实施研究、数据整理、统计学分析；贾蕾、杨鹏、庞星火：研究指导、论文修改、经费支持

参 考 文 献

[1] Han J, Zhang X, He SS, et al. Can the coronavirus disease be transmitted from food? A review of evidence, risks, policies and knowledge gaps[J]. Environ Chem Lett, 2021, 19(1):5-16. DOI:10.1007/s10311-020-01101-x.

[2] Pang XH, Ren LL, Wu SS, et al. Cold-chain food contamination as the possible origin of COVID-19 resurgence in Beijing[J]. Nat Sci Rev, 2020, 7(12): 1861-1864. DOI:10.1093/nsr/nwaa264.

[3] Chi YH, Zheng SL, Liu CD, et al. Transmission of SARS-CoV-2 on cold-chain food overpacks: A new challenge[J]. J Glob Health, 2021, 11:03071. DOI:10.7189/jogh.11.03071.

[4] 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.

[5] 国家卫生健康委员会疾病预防控制局. 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) [2022-02-22]. http://www. nhc. gov. cn/jkj/s3577/202105/6f1e8ec6c4a540d99fafef52fc86d0f8.shtml.

[6] 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.

[7] 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.

[8] 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.

[9] Wang XL, Lin X, Yang P, et al. Coronavirus disease 2019 outbreak in Beijing's Xinfadi Market, China: a modeling study to inform future resurgence response[J]. Infect Dis Poverty, 2021, 10(1): 62. DOI: 10.1186/s40249-021-00843-2.

[10] Zhao X, Mao LL, Zhang JQ, et al. Reemergent cases of COVID-19 - Dalian City, Liaoning province, China, July 22, 2020[J]. China CDC Wkly, 2020, 2(34): 658-660. DOI: 10.46234/ccdcw2020.182.

[11] Xing YH, Wong GWK, Ni W, et al. Rapid response to an outbreak in Qingdao, China[J]. N Engl J Med, 2020, 383(23):e129. DOI:10.1056/NEJMc2032361.

[12] 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.

[13] Dehbandi R, Zazouli MA. Stability of SARS-CoV-2 in different environmental conditions[J]. Lancet Microbe, 2020, 1(4):e145. DOI:10.1016/S2666-5247(20)30093-8.

[14] Zhang DT, Wu SS, Ren ZY, et al. A Local Cluster of Omicron Variant COVID-19 Likely Caused by Internationally Mailed Document — Beijing Municipality, China, January 2022[J]. China CDC Weekly, 2022, 4(14): 302-304. DOI: 10.46234/ccdcw2022.031.

[15] Shi NY, Huang JX, Ai J, et al. Transmissibility and pathogenicity of the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2: A systematic review and meta-analysis of secondary attack rate and asymptomatic infection[J]. J Infect Public Health, 2022, 15(3):297-306. DOI:10.1016/j.jiph.2022.01.015.

[16] 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.

[17] 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.

[18] 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.

[19] Ma CF, Xu ST, Yao YC, et al. Mild breakthrough infection in a healthcare professional working in the isolation area of a hospital designated for treating COVID-19 patients–Shaanxi province, China, March, 2021[J]. China CDC Wkly, 2021, 3(19):397-400. DOI:10.46234/ccdcw2021.094.

[20] 周丽君, 宋渝丹, 刘伦光, 等. 四川省一起本地新冠肺炎聚集性疫情的溯源调查[J]. 现代预防医学, 2021, 48(15): 2692-2695.
Zhou LJ, Song YD, Liu LG, et al. Investigation on the source of a local cluster of COVID-19, Sichuan province [J]. Mod Prev Med, 2021, 48(15):2692-2695.