·新型冠状病毒肺炎疫情防控·

广州市2起由新型冠状病毒奥密克戎变异株引起的本地疫情流行病学参数研究

黄勇[1,2] 郑志伟[1] 陈纯[1] 李科[1] 陈思宇[1] 陈远源[1] 景钦隆[1,2] 马钰[1,2] 罗雷[1,2] 杨智聪[1] 张周斌[1,2]

[1]广州市疾病预防控制中心，广州 510440；[2]广州医科大学公共卫生研究院，广州 510440

黄勇和郑志伟对本文有同等贡献

通信作者：张周斌，Email：gzcdc_zhangzb@gz.gov.cn

【摘要】 目的 本研究旨在估计广州市2起由新型冠状病毒（新冠病毒）奥密克戎变异株（BA.2）引起的本地疫情的潜伏期、序列间隔和基本再生数（R_0）等流行病学参数，探索不同场所聚集性对R_0的影响，为奥密克戎变异株疫情防控提供科学依据。**方法** 收集2022年4-5月广州市2起新冠病毒奥密克戎变异株本地疫情病例数据，使用Weibull、Gamma和lognormal分布对奥密克戎变异株本地疫情的潜伏期、序列间隔分布进行估计，采用指数增长法和极大似然法估计R_0。**结果** 两起疫情中位潜伏期为2.94（95%*CI*：2.52~3.38）d；中位序列间隔为3.32（95%*CI*：2.89~3.81）d。小型场所聚集性疫情R_0为4.40（95%*CI*：3.95~4.85），机场聚集性疫情R_0为11.35（95%*CI*：11.02~11.67）。**结论** 广州市2起由新冠病毒奥密克戎变异株引起的本地疫情潜伏期较德尔塔变异株明显缩短。场所聚集程度越高，R_0越大，传播速度越快，易呈现暴发疫情，应及时调整防控策略。

【关键词】 新型冠状病毒； 奥密克戎变异株； 潜伏期； 序列间隔； 基本再生数

基金项目：广州市医学重点学科（2021-2023-11）；广州市卫生健康科技项目（20211A011051，20211A010045）

Epidemiological characteristics of two local COVID-19 outbreaks caused by 2019-nCoV Omicron variant in Guangzhou, China

Huang Yong[1,2], Zheng Zhiwei[1], Chen Chun[1], Li Ke[1], Chen Siyu[1], Chen Yuanyuan[1], Jing Qinlong[1,2], Ma Yu[1,2], Luo Lei[1,2], Yang Zhicong[1], Zhang Zhoubin[1,2]

[1]Guangzhou Municipal Center for Disease Control and Prevention, Guangzhou 510440, China; [2]Institute of Public Health, Guangzhou Medical University, Guangzhou 510440, China

Huang Yong and Zheng Zhiwei contributed equally to the article

Corresponding author: Zhang Zhoubin, Email: gzcdc_zhangzb@gz.gov.cn

【Abstract】 Objective To understand the epidemiological characteristics of two local COVID-19 outbreaks caused by 2019-nCoV Omicron variant in Guangzhou, such as incubation period, serial interval, basic reproductive number (R_0) and the influence of gathering places on R_0, and provide evidence for the prevention and control of Omicron variant infection. **Methods** The data of daily confirmed cases of Omicron variant infection from April 8 to May 8, 2022 in two COVID-19 outbreaks in Guangzhou were collected for model fitting. Weibull, Gamma and lognormal distribution were used to estimate incubation period and serial interval. Exponential growth method and the maximum likelihood estimation were used to estimate R_0. **Results** The median of

DOI：10.3760/cma.j.cn112338-20220523-00450

收稿日期 2022-05-23 **本文编辑** 张婧

引用格式：黄勇，郑志伟，陈纯，等. 广州市2起由新型冠状病毒奥密克戎变异株引起的本地疫情流行病学参数研究[J]. 中华流行病学杂志，2022，43(11)：1705-1710. DOI：10.3760/cma.j.cn112338-20220523-00450.

Huang Y, Zheng ZW, Chen C, et al. Epidemiological characteristics of two local COVID-19 outbreaks caused by 2019-nCoV Omicron variant in Guangzhou, China[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(11): 1705-1710. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220523-00450.

incubation period was 2.94 (95%*CI*: 2.52-3.38) days and median of serial interval was 3.32 (95%*CI*: 2.89-3.81) days. The estimated R_0 in small-size place was 4.40 (95%*CI*: 3.95-4.85), while the estimated R_0 at airport was 11.35 (95%*CI*: 11.02-11.67). **Conclusion** The incubation period of Omicron variant in two local COVID-19 outbreaks in Guangzhou is significantly shorter than that of delta variant. The higher the gathering degree in a place, the larger the R_0. Due to its rapid transmission, COVID-19 epidemic is prone to occur. Therefore, the COVID-19 prevention and control strategy should be dynamically adjusted in time.

【Key words】 2019-nCoV; Omicron variant; Incubation period; Serial interval; Basic reproductive number

Fund programs: The Key Project of Medicine Discipline of Guangzhou (2021-2023-11); Guangzhou Health Technology Project (20211A011051, 20211A010045)

2021 年 11 月 26 日 WHO 首次报告了新型冠状病毒（新冠病毒）奥密克戎变异株，奥密克戎变异株包含若干亚分支，主要亚分支包括 BA.1、BA.2、BA.3、BA.4 和 BA.5。自 2021 年 12 月 9 日我国内地报告首例奥密克戎变异株病例以来，广州、北京、上海、深圳、天津等多地均出现不同规模的奥密克戎变异株本土疫情。目前奥密克戎变异株已取代德尔塔变异株成为全球优势毒株[1]。相对于德尔塔变异株，奥密克戎变异株的潜伏期更短，传染性更强且仍在不断变异[2]。为应对奥密克戎变异株，及时动态精准地调整防控措施，持续分析其流行病学特征具有重要意义。

已有学者开展对新冠病毒流行病学参数估计的研究。Li 等[3]通过指数增长法（EG）、极大似然法（ML）等 5 种数学模型估计 2020 年新冠病毒原始株基本再生数（R_0）约为 3.39。通过 ML 估计德尔塔变异株在国内的 R_0 为 3.57~4.07，传播能力明显高于原始株[4]。李亚飞等[5]发现由奥密克戎变异株（BA.1）引发的学校聚集性疫情 R_0 为 5.46。潘静静等[6]发现由奥密克戎变异株（BA.2）引发的工厂聚集性疫情的中位潜伏期为 3 d，序列间隔中位数 3 d，R_0 为 6.14，但样本量偏少。提示聚集程度不同的场所可能导致 R_0 不同。

本研究分析 2022 年 4 月 8 日和 4 月 27 日广州市 2 起新冠病毒奥密克戎变异株（BA.2）本地疫情早期的流行病学特征，根据发病病例数据估计潜伏期和序列间隔的分布，并估算 R_0，同时探索小型场所聚集性疫情和机场聚集性疫情对 R_0 的影响。

资料与方法

1. 基本情况：2022 年 4 月 8 日和 4 月 27 日广州市发生 2 起新冠病毒奥密克戎变异株（BA.2）本地疫情[7-8]，其中“408”疫情首例病例为 3 月 27 日发病的某服装公司员工，该起疫情以小型场所聚集性疫情为主，波及酒吧、公司等，共报告 274 例。“427”疫情首例病例为 4 月 26 日发病的机场员工，该起疫情以机场聚集性疫情为主，共报告 148 例。

2. 2 起疫情广州市所采取的疫情防控措施：①“408”疫情：2022 年 4 月 8 日，白云区某学校例行核酸筛查发现 1 例小学生核酸检测异常，广州市于 4 月 9 日发布《广州市新型冠状病毒肺炎疫情防控指挥部通告（第 32 号）》并迅速启动全市 11 个区第一轮全员核酸筛查，其中将白云区除封控区和管控区外的其他区域划定为防范区[7,9]。4 月 10 日，全市中小学（有住宿条件和全封闭管理条件的高三年级除外）暂停线下教学，采取线上教学[10]。4 月 12 日，全市启动第二轮全员核酸筛查[11]。4 月 20 日起，全市幼儿园及中小学（白云区除外）有序恢复线下教学[12]。②“427”疫情：4 月 27 日，因白云区白云机场例行核酸采样中发现机场工作人员核酸检测异常，4 月 28–29 日全市 11 个区开展第三轮全员核酸筛查，并对白云机场进行有效管控[8, 13]。4 月 30 日，实现社会面清零[14]。5 月 4 日，全市实施第四轮全员核酸筛查。5 月 7 日，全市实施第五轮全员核酸筛查。5 月 13 日，白云机场恢复常态化运行[15]。

3. 数据来源：病例信息来源于 2022 年 4 月 8 日至 5 月 8 日中国疾病预防控制信息系统中广州市所有新冠病毒肺炎本土病例传染病报告卡信息和个案流行病学调查。

4. 潜伏期估计：潜伏期指在新冠病毒侵入机体到最早出现临床症状或体征的时间之差[16]，是确定密切接触者隔离期限和判断病例感染时间的重要依据。计算潜伏期需确定新冠病毒肺炎感染者的暴露时间和发病时间。对于暴露时间，对传播链清晰且流行病学调查资料准确的个案病例进行疾病潜伏期估计最佳。因此，本研究选取有明确、唯一暴露源且仅暴露一次的病例进行分析，并采用

Weibull、Gamma和lognormal概率密度分布模型拟合相关数据。采用Akaike信息准则(Akaike information criterion, AIC)进行定量分析,其中AIC值越小,说明模型拟合程度越高[17]。确定最优分布后,再利用Bootstrap方法进行10 000次重抽样计算中位数及其95%*CI*。

5. 序列间隔估计:序列间隔指一个感染者发病时间与其下一代感染者发病时间之差[16]。代表疾病从一个人传至另一个人的平均间隔时间。值越小,疫情越容易呈现暴发模式。参数估计方法同潜伏期。

6. R_0及实时再生数(R_t)估计:①R_0:在没有干预的情况下,即政府实施防控措施前,一个病例造成的新发病例数的平均数量[18-19],对于评估病毒传播能力和提示疫情起始规模具有重要意义。②R_t:当政府采取防控措施后,病毒的传播能力受到限制,此时疫情的传播速度可用R_t表示,即在t时刻一个病例造成的新发病例数的平均数量[18-19]。R_t会随时间动态变化,主要用于评估疫情的进展和防控措施的有效程度,当R_t保持在1以下,说明该防控措施下疫情将得到控制[19]。③估计方法:在获得序列间隔的最优分布及该分布参数的基础上,结合政府实施分级防控前的发病病例数,分别采用EG和ML估计R_0[3],并用决定系数(R^2)和均方根误差(root mean squared error, *RMSE*)评估模型拟合程度。R^2越大,*RMSE*越小,模型拟合程度越高[16]。利用序列间隔的均值、标准差和每日发病病例数计算R_t,因每天R_t波动较大,参数上设置平滑7 d对其进行滚动计算。采用R软件工具包R0和EpiEstim分别计算R_0和R_t。

7. 统计学方法:上述分析应用R 4.0.2软件完成。因潜伏期和序列间隔不服从正态分布,计量资料以$M(Q_1, Q_3)$表示。采用非参数检验法比较2起疫情在潜伏期、序列间隔的差异。基于重抽样法估计的中位数和95%*CI*对比2起场所聚集程度不同的疫情在R_0上的差异。检验水准α=0.05。

结　果

1. 基本情况:2022年4月8日至5月8日广州市共报告新冠病毒奥密克戎变异株(BA.2)感染者422例,其中感染来源明确且仅暴露一次的感染者共79例。其中"408"小型场所聚集性疫情61例(77.2%),"427"机场聚集性疫情18例(22.8%)。

2. 潜伏期估计:新冠病毒奥密克戎变异株(BA.2)潜伏期范围为1.00~6.00 d, $M(Q_1, Q_3)$为3.00(2.00, 4.00)d,平均值为3.07 d。基于三种分布的概率密度分布见图1和表1。三种分布中,潜伏期的估计以Weibull分布对应的AIC值最小,经Bootstrap进行10 000次重抽样的M(95%*CI*)为2.94(2.52~3.38)d。其中,"427"机场聚集性疫情的潜伏期[M(95%*CI*)为2.44(1.99~2.91)d]与"408"小型场所聚集性疫情差异尚不显著[M(95%*CI*)为3.12(2.62~3.67)d], P=0.064。

3. 序列间隔估计:新冠病毒奥密克戎变异株(BA.2)序列间隔范围为1.00~9.00 d, $M(Q_1, Q_3)$为3.00(3.00, 4.50)d,平均值为3.62 d。基于三种分布的概率密度分布见图2和表1。三种分布中,序列间隔的估计以Gamma分布对应的AIC值最小。经Boostrap进行10 000次重抽样的M(95%*CI*)为3.32(2.89~3.81)d。其中,"427"机场聚集性疫情的序列间隔[M(95%*CI*)为2.90(2.52~3.30)d]与"408"小型场所聚集性疫情差异尚不显著[M(95%*CI*)为3.65(3.09~4.28)d], P=0.071。

4. R_0及R_t估计:根据广州市实施分级防控前的发病病例数和序列间隔估计值,在"408"小型场所聚集性疫情中,ML计算得R_0为3.76(95%*CI*:3.31~4.22), R^2=67%, *RMSE*=2.10; EG计算得R_0为4.40(95%*CI*:3.95~4.85), R^2=71%, *RMSE*=1.21。鉴于EG的R^2高于ML(71% *vs.* 67%),且*RMSE*小于ML(1.21 *vs.* 2.10),因此,EG的拟合效果最优。

在"427"机场聚集性疫情中,ML计算得R_0为6.77(95%*CI*:6.45~7.10), R^2=69%, *RMSE*=15.26;EG计算得R_0为11.35(95%*CI*:11.02~11.67), R^2=71%, *RMSE*=13.04。鉴于EG的R^2高于ML(71% *vs.* 69%),且*RMSE*小于ML(13.04 *vs.* 15.26),因此,EG的拟合效果最优。

"427"机场聚集性疫情的R_0为11.35(95%*CI*:11.02~11.67)远高于"408"小型场所聚集性疫情(R_0=4.40, 95%*CI*:3.95~4.85),且"408"小型场所聚集性疫情的R_t先缓慢升高再缓慢下降,而"427"机场聚集性疫情R_t先急剧升至高峰,再快速下降。见图3。

讨　论

2022年4-5月我国广州市2起奥密克戎变异株(BA.2)疫情的中位潜伏期为2.94 d,与2021年

表 1　2022 年广州市 2 起疫情新型冠状病毒奥密克戎变异株潜伏期和序列间隔估计结果

疫情期	估计参数	$M(Q_1,Q_3)$	分布拟合				Bootstrap 估计值	
			分布	参数 1	参数 2	AIC 值	M(95%CI)	标准差
“408”小型场所聚集性疫情	潜伏期(d)	3.00(2.00,4.00)	Weibull[a]	2.20	3.69	227.87	3.12(2.62~3.67)	1.56
			Gamma	3.73	1.14	229.40	3.00(2.52~3.52)	1.68
			lognormal	1.04	0.56	233.68	2.82(2.38~3.37)	1.86
	序列间隔(d)	3.00(3.00,5.00)	Weibull[a]	2.17	4.32	247.59	3.65(3.09~4.28)	1.86
			Gamma	3.72	0.97	248.74	3.49(2.93~4.13)	2.00
			lognormal	1.20	0.57	254.14	3.33(2.78~3.96)	2.36
“427”机场聚集性疫情	潜伏期(d)	3.00(2.00,3.00)	Weibull[a]	3.41	2.73	47.92	2.44(1.99~2.91)	0.78
			Gamma	6.83	2.79	50.85	2.34(1.86~2.89)	0.92
			lognormal	0.82	0.42	53.00	2.25(1.77~2.84)	1.01
	序列间隔(d)	3.00(2.20,3.00)	Weibull	4.69	3.22	42.45	2.97(2.55~3.36)	0.71
			Gamma[a]	16.83	5.72	42.42	2.90(2.52~3.30)	0.70
			lognormal	1.05	0.25	42.74	2.86(2.48~3.29)	0.71
合计	潜伏期(d)	3.00(2.00,4.00)	Weibull[a]	2.21	3.48	283.02	2.94(2.52~3.38)	1.47
			Gamma	3.94	1.28	283.09	2.83(2.45~3.24)	1.53
			lognormal	0.99	0.54	287.30	2.69(2.30~3.12)	1.75
	序列间隔(d)	3.00(3.00,4.50)	Weibull	2.24	4.10	305.18	3.47(2.98~3.99)	1.70
			Gamma[a]	4.30	1.19	303.28	3.32(2.89~3.81)	1.73
			lognormal	1.17	0.52	307.67	3.23(2.81~3.72)	1.96

注：[a]该指标下最优模型；Weibull 分布下，参数 1 表示形状参数(shape)，参数 2 表示尺度参数(scale)；Gamma 分布下，参数 1 表示形状参数(shape)，参数 2 表示尺度参数的倒数(1/scale)；lognormal 分布下，参数 1 表示位置参数(μ)，参数 2 表示形状参数(σ)

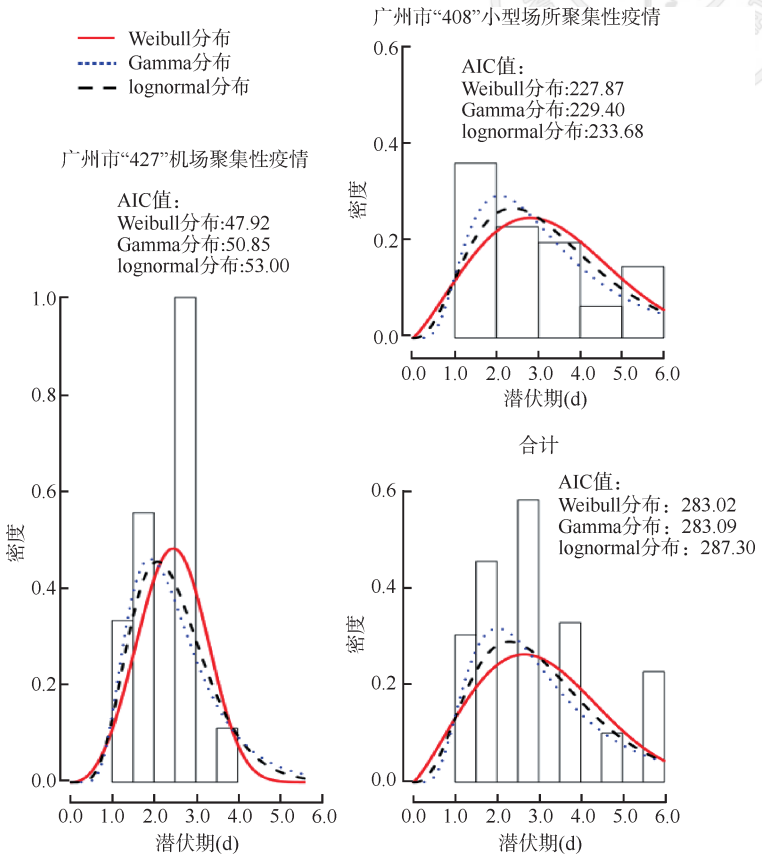


图 1　2022 年广州市 2 起疫情新型冠状病毒奥密克戎变异株(BA.2)潜伏期频率分布

12 月挪威奥密克戎变异株疫情、2022 年我国河南省奥密克戎变异株疫情估计的潜伏期 3 d 相近[6,20]，但短于 2021 年 5 月我国广州市德尔塔变异株疫情估计的潜伏期 4.7 d[21]，也短于 2020 年我国武汉市原始株疫情估算的潜伏期 5.2 d[22]。本研究 2 起疫情的潜伏期的最优分布均为 Weibull 分布，与 Backer 等[23]结果一致，但也有部分学者发现 Gamma 分布和 lognormal 分布为潜伏期最优分布[24-25]，可能原因为三种分布类型近似[25]。潜伏期与留验、检疫和医学观察时限密切相关，潜伏期越短，一方面提示需要加快疫情防控工作的响应速度，另一方面提示可以适当缩短密切接触者和次密切接触者的隔离期。

我国广州市 2 起奥密克戎变异株(BA.2)疫情的中位序列间隔为 3.32 d，与 2022 年我国河南省奥密克戎变异株疫情的 3 d、2022 年韩国奥密克戎变异株疫情的 3.78 d 相近[6,26]，与 2021 年 5 月我国广州市德尔塔变异株疫情估计的序列间隔

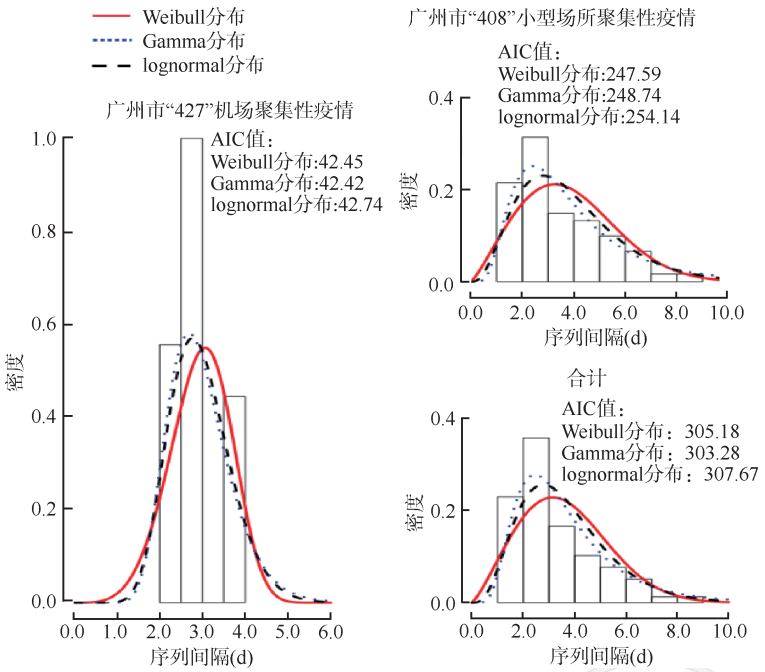


图2　2022年广州市2起疫情新型冠状病毒奥密克戎变异株(BA.2)序列间隔频率分布

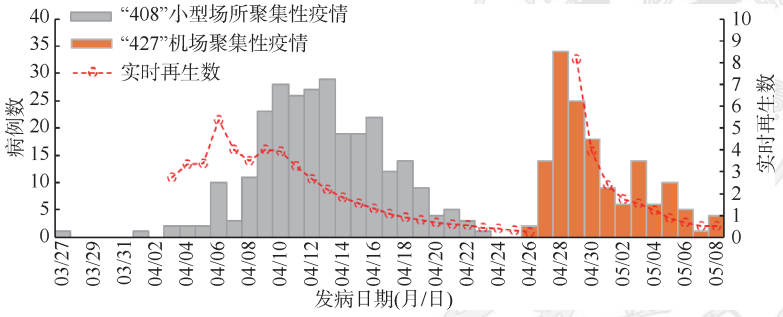


图3　2022年广州市2起疫情发病流行曲线和实时再生数趋势图

3 d、2021年韩国德尔塔疫情的3.6 d相近[21,27]，但短于2020年原始株的7.5 d[22]。本研究2起疫情序列间隔的最优分布分别为Weibull分布和Gamma分布，而总体最优分布为Gamma分布，与Talmoudi等[28]结果一致，但也有部分学者发现Weibull分布和lognormal分布为序列间隔最优分布[29-30]。这种不一致与三种分布类型近似、样本量等因素相关[25]。

即使是同一变异株，在人员聚集程度不同的场所下也有所不同[31]。本研究发现，由奥密克戎变异株(BA.2)引起的以酒吧、公司等小型场所聚集为主的疫情的R_0为4.40，小于由奥密克戎变异株(BA.1)引起的以学校聚集性为主的疫情(R_0=5.46)[5]，小于由奥密克戎变异株(BA.2)引起的以工厂聚集性为主的疫情(R_0=6.14)[6]，小于本研究由奥密克戎变异株(BA.2)引起的以机场聚集性为主的疫情(R_0=11.35)。提示场所聚集程度越高，R_0越大，越需要以更快的速度和更果断的措施切断传播链，否则极易引起更大规模的本地疫情暴发和大范围的外溢。除了场所聚集程度，口罩使用率、疫苗覆盖度等也可能会影响R_0和疫情传播。本研究2起疫情的R_0分别为4.40和11.35，高于2020年原始株的2.2[22]和2021年广州市德尔塔疫情的3.2[21]。在估计方法上，2起疫情的最优拟合方法均为EG，与多数学者使用的估计方法一致[18,32]。

因出现疫情后政府会迅速实施防控措施，R_t的趋势通常先上升后下降。本研究中，“408”小型场所聚集性疫情的R_t趋势为先升后降，与2022年河南省工厂聚集性疫情和学校疫情的R_t趋势一致[5-6]，也与2021年广州市德尔塔疫情的R_t趋势一致[21]。而“427”机场聚集性疫情的R_t趋势直接为升至高峰后快速下降，这可能与其高度聚集、例行核酸策略和人员快速管控有关。机场工作人员例行核酸策略便于早期在高风险人群中发现感染源，机场工作人员及旅客快速管控有助于减少外溢。

本研究选择有明确唯一的暴露源且仅暴露一次的病例数据估计潜伏期和序列间隔，获得的结果会比基于报告病例数统计的要精确。不足之处在于机场聚集性疫情的样本量较小，仅18例，主要原因在于机场内人员流动频繁，员工交流密切，且多数共用食堂等公共场所，导致多数病例有持续暴露史或无明确感染来源。

综上所述，本研究提供了奥密克戎变异株(BA.2)的流行病学特征，阐述了不同聚集性场所对R_0的影响，尤其是机场聚集性疫情，为进一步的疫情分析提供了重要参数，同时也为实时动态调整防控措施提供科学依据。

利益冲突　所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明　黄勇、郑志伟：研究设计、数据收集及整理、论文撰写、论文修改；陈纯、李科、陈思宇、陈远源：实施研究、采集数据、论文修改和指导；景钦隆、马钰、罗雷、杨智聪：研究设计、论文指导、技术支持；张周斌：研究设计、论文修改/指导、经费支持、技术支持

参　考　文　献

[1]　WHO. Weekly epidemiological update on COVID-19[EB/OL]. (2022-02-22) [2022-06-23]. https://www.who.int/

publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-22-february-2022.
[2] Saxena SK, Kumar S, Ansari S, et al. Characterization of the novel SARS-CoV-2 Omicron (B. 1.1.529) variant of concern and its global perspective[J]. J Med Virol, 2022, 94(4):1738-1744. DOI:10.1002/jmv.27524.
[3] Li JH, Wang YJ, Gilmour S,et al. Estimation of the epidemic properties of the 2019 novel coronavirus:a mathematical modeling study[Z]. medRxiv, 2020. DOI:10.1101/2020.02.18.20024315.
[4] 王廉皓, 张翔宇, 王雪纯, 等. 中国新型冠状病毒德尔塔突变株传播强度分析[J]. 现代预防医学, 2022, 49(7):1165-1169.
Wang LH, Zhang XY, Wang XC, et al. Transmission intensity analysis of SARS-Cov-2 delta mutant in China[J]. Mod Prev Med, 2022, 49(7):1165-1169.
[5] 李亚飞, 范威, 王文华, 等. 一起由新冠病毒奥密克戎变异株引起的学校聚集性疫情[J]. 中国公共卫生, 2022, 38(5): 614-618. DOI:10.11847/zgggws1138512.
Li YF, Fan W, Wang WH, et al. A school cluster outbreak of COVID-19 caused by SARS-COV-2 omicron variant[J]. Chin J Public Health, 2022, 38(5): 614-618. DOI: 10.11847/zgggws1138512.
[6] 潘静静, 王莹莹, 王文华, 等. 一起由奥密克戎变异株BA.2.2引起的河南省新冠肺炎本土疫情流行病学特征分析[J]. 中国公共卫生, 2022, 38(5): 1-5. DOI: 10.11847/zgggws1138726.
Pan JJ, Wang YY, Wang WH, et al. Epidemiological characteristics of a local COVID-19 outbreak caused by Omicron (BA. 2.2) variant in Henan province[J]. Chin J Public Health, 2022, 38(5): 1-5. DOI: 10.11847/zgggws 1138726.
[7] 广州市人民政府. 2022 年 4 月 9 日广州市疫情防控新闻发布会[EB/OL]. (2022-04-09)[2022-06-09]. http://www.gz.gov.cn/xw/xwfbh/content/post_8176897.html.
[8] 广州市人民政府. 2022 年 4 月 29 日广州市疫情防控新闻发布会[EB/OL]. (2022-04-29)[2022-06-09]. http://www.gznews.gov.cn/167310.shtml.
[9] 广州市新型冠状病毒肺炎疫情防控指挥部. 广州市新型冠状病毒肺炎疫情防控指挥部通告(第 32 号)[EB/OL]. (2022-04-09) [2022-06-09]. http://www. gz. gov. cn/xw/tzgg/content/post_8176408.html.
[10] 广州市教育局. 广州市新型冠状病毒肺炎疫情防控指挥部办公室教育疫情防控工作专班关于各级各类学校教学安排的通告[EB/OL]. (2022-04-11) [2022-06-09]. http://www.gz.gov.cn/xw/tzgg/content/post_8178920.html.
[11] 排骨. 2022 年 4 月 12 日广州 11 区开展全员核酸检测[EB/OL]. (2022-04-12)[2022-06-09]. http://gz.bendibao.com/news/2022412/312915.shtm.
[12] 广州市人民政府. 4 月 20 日起广州全市中学(白云区除外)返校复课[EB/OL]. (2022-04-18)[2022-06-09]. http://m.gz.bendibao.com/mip/313440.html.
[13] 广州白云国际机场. 白云机场从即日起调整部分国内客运航班计划 [EB/OL]. (2022-04-28) [2022-06-09]. https://www. gbiac. net/byairport-web/menu/index? urlKey=news&id=7065.
[14] 海阔天空. 4 月 30 日以来广州已连续 6 天实现社会面清零[EB/OL]. (2022-05-05)[2022-06-09]. http://gz.bendibao.com/news/202255/content314674.shtml.
[15] 广州白云国际机场. 2022 年 5 月 13 日白云机场恢复常态化运行[EB/OL]. (2022-05-13) [2022-06-09]. https://www. gbiac. net/byairport-web/menu/index? urlKey=news&id=7092.
[16] 宋倩倩, 赵涵, 方立群, 等. 新型冠状病毒肺炎的早期传染病流行病学参数估计研究[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(4):461-465. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200205-00069.
Song QQ, Zhao H, Fang LQ, et al. Study on assessing early epidemiological parameters of COVID-19 epidemic in China[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(4): 461-465. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20200205-00069.
[17] Cauchemez S, Fraser C, van Kerkhove MD, et al. Middle East respiratory syndrome coronavirus: quantification of the extent of the epidemic, surveillance biases, and transmissibility[J]. Lancet Infect Dis, 2014, 14(1): 50-56. DOI:10.1016/S1473-3099(13)70304-9.
[18] 王莹, 尤心怡, 王奕婧, 等. 中国新型冠状病毒肺炎疫情基本再生数评估[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(4):476-479. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200210-00086.
Wang Y, You XY, Wang YJ, et al. Estimating the basic reproduction number of COVID-19 in Wuhan, China[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(4):476-479. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200210-00086.
[19] 韩珂, 贾王平, 曹文哲, 等. 一线城市新型冠状病毒肺炎实时基本再生数估算及流行现状评估[J]. 解放军医学院学报, 2020, 41(4): 421-425, 429. DOI: 10.3969/j.issn.2095-5227.2020.04.023.
Han K, Jia WP, Cao WZ, et al. Estimation of real-time basic reproduction number and epidemic status of 2019 novel coronavirus diseases (COVID-19) in first-tier cities[J]. Acad J Chin PLA Med Sch, 2020, 41(4):421-425, 429. DOI: 10.3969/j.issn.2095-5227.2020.04.023.
[20] Brandal LT, Macdonald E, Veneti L, et al. Outbreak caused by the SARS-CoV-2 Omicron variant in Norway, November to December 2021[J]. Euro Surveill, 2021, 26(50):2101147. DOI:10.2807/1560-7917.ES.2021.26.50.2101147.
[21] 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.
[22] Li Q, Guan XH, Wu P, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia [J]. N Engl J Med, 2020, 382(13):1199-1207. DOI:10.1056/NEJMoa2001316.
[23] Backer JA, Klinkenberg D, Wallinga J. Incubation period of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infections among travellers from Wuhan, China, 20 – 28 January 2020[J]. Euro Surveill, 2020, 25(5): 2000062. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.5.2000062.
[24] 李盈科, 赵时, 楼一均, 等. 新型冠状病毒肺炎的流行病学参数与模型[J]. 物理学报, 2020, 69(9): 090202. DOI: 10.7498/aps.69.20200389.
Li YK, Zhao S, Lou YJ, et al. Epidemiological parameters and models of coronavirus disease 2019[J]. Acta Phys Sin, 2020, 69(9):090202. DOI:10.7498/aps.69.20200389.
[25] 杜志成, 顾菁, 李菁华, 等. 基于区间删失数据估计方法的 COVID-19 潜伏期分布估计[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(7):1000-1003. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200313-00331.
Du ZC, Gu J, Li JH, et al. Estimating the distribution of COVID-19 incubation period by interval-censored data estimation method[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(7):1000-1003. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200313-00331.
[26] Kim D, Ali ST, Kim S, et al. Estimation of serial interval and reproduction number to quantify the transmissibility of SARS-CoV-2 omicron variant in South Korea[J]. Viruses, 2022, 14(3):533. DOI:10.3390/v14030533.
[27] Ryu S, Kim D, Lim JS, et al. Serial interval and transmission dynamics during SARS-CoV-2 delta variant predominance, South Korea[J]. Emerg Infect Dis, 2022, 28(2):407-410. DOI:10.3201/eid2802.211774.
[28] Talmoudi K, Safer M, Letaief H, et al. Estimating transmission dynamics and serial interval of the first wave of COVID-19 infections under different control measures: a statistical analysis in Tunisia from February 29 to May 5, 2020[J]. BMC Infect Dis, 2020, 20(1): 914. DOI:10.1186/S12879-020-05577-4.
[29] Kwok KO, Wong VWY, Wei WI, et al. Epidemiological characteristics of the first 53 laboratory-confirmed cases of COVID-19 epidemic in Hong Kong, 13 February 2020[J]. Euro Surveill, 2020, 25(16): 2000155. DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.16.2000155.
[30] Ratovoson R, Razafimahatratra R, Randriamanantsoa L, et al. Household transmission of COVID-19 among the earliest cases in Antananarivo, Madagascar[J]. Influenza Other Respir Viruses, 2022, 16(1): 48-55. DOI: 10.1111/irv.12896.
[31] 黄丽红, 沈思鹏, 余平, 等. 基于动态基本再生数的新型冠状病毒肺炎疫情防控现状评估[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(4): 466-469. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20200209-00080.
Huang LH, Shen SP, Yu P, et al. Dynamic basic reproduction number based evaluation for current prevention and control of COVID-19 outbreak in China[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(4):466-469. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200209-00080.
[32] Yu CJ, Wang ZX, Xu Y, et al. Assessment of basic reproductive number for COVID-19 at global level: a meta-analysis[J]. Medicine, 2021, 100(18): e25837. DOI: 10.1097/MD.0000000000025837.