

· 新型冠状病毒感染疫情防控 ·

深圳市一起新型冠状病毒 Omicron BF.7 变异株暴发疫情的流行病学特征

程雁鹏¹ 孔东锋¹ 张佳¹ 吕子全² 陈志高¹ 熊华威¹ 路滢¹ 罗青山¹吕秋莹¹ 赵锦³ 温莹¹ 万佳¹ 陆芳芳⁴ 逯建华⁵ 邹旋⁵ 张振¹

¹深圳市疾病预防控制中心传染病预防控制所,深圳 518055;²深圳市疾病预防控制中心中心实验室,深圳 518055;³深圳市疾病预防控制中心艾滋病预防控制所,深圳 518055;⁴深圳市宝安区公共卫生福永分中心,深圳 518103;⁵深圳市疾病预防控制中心办公室,深圳 518055

通信作者:邹旋,Email:914494557@qq.com;张振,Email:47176976@qq.com

【摘要】 目的 分析深圳市一起广东省外输入的新型冠状病毒(新冠病毒)Omicron BF.7 变异株所致暴发疫情的流行病学特征,梳理和分析其传播链条和传播特征。方法 采用现场流行病学方法对病例进行调查,整理新冠病毒感染者活动轨迹、分析代际关系等,对新冠病毒核酸阳性标本进行基因测序分析。结果 2022 年 10 月 8-23 日,深圳市共报告 196 例新冠病毒感染者,均存在流行病学关联。男、女性分别为 100 和 96 例,年龄 $M(Q_1, Q_3)$ 为 33(25, 46) 岁。本起疫情由在广东省外旅游返回深圳市的新冠病毒感染者(首发病例)引起,4 条传播链分别为首发病例现住址相关感染 8 例、7 日晚社会面活动相关感染 65 例、8 日写字楼工作场所相关感染累计 48 例、在工作场所附近的写字楼相关感染 74 例。本起疫情潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 1.44(1.11, 2.17)d。室内暴露的潜伏期短于室外暴露的潜伏期, $M(Q_1, Q_3)$ 分别为 1.38(1.06, 1.84) 和 1.95(1.22, 2.99)d, 差异有统计学意义(Wald $\chi^2=10.27, P=0.001$)。随着代际的增加,基因位点突变个数及突变比例增加。在同一传播链疫情时,传播 1 代的新增基因突变位点 1~3 个的占比较高。结论 本起疫情传播链清晰,新冠病毒 Omicron BF.7 变异株的潜伏期短,传播速度快,基因突变比例较高。在疫情处置时,应加快疫情处置速度,严格落实防控政策。

【关键词】 新型冠状病毒感染; 新型冠状病毒; Omicron 变异株; 流行病学特征; 传播链

基金项目:深圳市医学重点学科(SZXX064);深圳市医疗卫生三名工程项目(SZSM202011008)

Epidemiological characteristics of a 2019-nCoV outbreak caused by Omicron variant BF.7 in Shenzhen

Cheng Yanpeng¹, Kong Dongfeng¹, Zhang Jia¹, Lyu Ziquan², Chen Zhigao¹, Xiong Huawei¹, Lu Yan¹, Luo Qingshan¹, Lyu Qiuying¹, Zhao Jin³, Wen Ying¹, Wan Jia¹, Lu Fangfang⁴, Lu Jianhua⁵, Zou Xuan⁵, Zhang Zhen¹

¹Institute for Infectious Disease Prevention and Control, Shenzhen Center for Disease Control and Prevention, Shenzhen 518055, China; ²Central Laboratory, Shenzhen Center for Disease Control and Prevention, Shenzhen 518055, China; ³Institute for AIDS Prevention and Control, Shenzhen Center for Disease Control and Prevention, Shenzhen 518055, China; ⁴Fuyong Branch Center of Shenzhen Bao'an District Public Health Center, Shenzhen 518103, China; ⁵Central Office, Shenzhen Center for Disease Control and Prevention, Shenzhen 518055, China

Corresponding authors: Zou Xuan, Email: 914494557@qq.com; Zhang Zhen, Email: 47176976@qq.com

【Abstract】 Objective To explore the epidemiological characteristic of a COVID-19

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20221031-00926

收稿日期 2022-10-31 本文编辑 斗智

引用格式:程雁鹏,孔东锋,张佳,等. 深圳市一起新型冠状病毒 Omicron BF.7 变异株暴发疫情的流行病学特征[J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(3): 379-385. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20221031-00926.

Cheng YP, Kong DF, Zhang J, et al. Epidemiological characteristics of a 2019-nCoV outbreak caused by Omicron variant BF.7 in Shenzhen[J]. Chin J Epidemiol, 2023, 44(3):379-385. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20221031-00926.



outbreak caused by 2019-nCoV Omicron variant BF.7 and other provinces imported in Shenzhen and analyze transmission chains and characteristics. **Methods** Field epidemiological survey was conducted to identify the transmission chain, analyze the generation relationship among the cases. The 2019-nCoV nucleic acid positive samples were used for gene sequencing. **Results** From 8 to 23 October, 2022, a total of 196 cases of COVID-19 were reported in Shenzhen, all the cases had epidemiological links. In the cases, 100 were men and 96 were women, with a median of age, $M(Q_1, Q_3)$ was 33(25, 46) years. The outbreak was caused by travelers initial cases infected with 2019-nCoV who returned to Shenzhen after traveling outside of Guangdong Province. There were four transmission chains, including the transmission in place of residence and neighbourhood, affecting 8 persons, transmission in social activity in the evening on 7 October, affecting 65 persons, transmission in work place on 8 October, affecting 48 persons, and transmission in a building near the work place, affecting 74 persons. The median of the incubation period of the infection, $M(Q_1, Q_3)$ was 1.44 (1.11, 2.17) days. The incubation period of indoor exposure less than that of the outdoor exposure, $M(Q_1, Q_3)$ was 1.38 (1.06, 1.84) and 1.95 (1.22, 2.99) days, respectively ($Wald \chi^2=10.27, P=0.001$). With the increase of case generation, the number and probability of gene mutation increased. In the same transmission chain, the proportion of having 1-3 mutation sites was high in the cases in the first generation. **Conclusions** The transmission chains were clear in this epidemic. The incubation period of Omicron variant BF.7 infection was shorter, the transmission speed was faster, and the gene mutation rate was higher. It is necessary to conduct prompt response and strict disease control when epidemic occurs.

【Key words】 COVID-19; 2019-nCoV; Omicron variant; Epidemiological characteristics; Transmission chain

Fund programs: Shenzhen Key Medical Discipline Construction Fund (SZXK064); Sanming Project of Medicine in Shenzhen (SZSM202011008)

目前,新型冠状病毒(新冠病毒)感染持续受到关注^[1-2]。随着新冠病毒的传播能力和免疫逃逸能力不断进化,新冠病毒 Omicron 变异株在 2021 年 11 月 26 日被 WHO 定义为第五种值得关切的变异株^[3-5]。13 d 后中国在天津市入境人员中检出 Omicron 变异株(B.1.1.529)^[6],3 个月后,该变异株逐渐成为国内多个城市新冠病毒感染疫情的主要流行株,其传播速度快且隐匿的特点给新冠病毒感染疫情防控工作带来巨大挑战^[7]。Omicron BF.7 (B.1.1.529.5.2.1.7) 变异株是 Omicron BF.5(B.1.1.529.5) 变异株衍生的第三代亚型^[8]。我国报道第一起 Omicron BF.7 变异株疫情是 2022 年 9 月 28 日内蒙古自治区呼和浩特市 1 例本土病例^[9],短短半个月内在广东省和山东省等地发现该变异株引发的疫情^[10]。本研究分析 2022 年 10 月 8-23 日深圳市报告的广东省外输入的 Omicron BF.7 变异株暴发疫情的流行病学特征,梳理和分析其传播链条和传播特征。

对象与方法

1. 研究对象:2022 年 10 月 8-23 日深圳市报告的存在明确流行病学关联的 196 例新冠病毒感染者(包括新冠病毒确诊病例和无症状感染者)。根

据发病时间先后编码为 1~196 号,无症状感染者则按照采样初筛阳性时间判定。

2. 调查方法:采用现场流行病学调查(流调)方法,与实验室核实诊断结果后对新冠病毒感染者进行面对面或电话调查,结合公安大数据轨迹排查定位技术,整理新冠病毒感染者的社会人口学特征、首发病例特征、临床分型结果、最近 4 天 24 小时闭环轨迹和活动轨迹以及发病、就诊和购药情况等信息,通过广东省新冠病毒检测信息系统获取新冠病毒感染者的初次阳性采样时间和报告时间。由区级 CDC 经过统一培训的流调员负责填写,市级 CDC 负责审核及确认。收集到的所有信息通过粤政易 v2.5 软件进行加密交流、传输,确保信息安全。

3. 相关定义:

(1) 病例相关定义^[11]:①疑似病例:从 2022 年 11 月 24 日开始深圳市居民中出现发热和(或)呼吸道症状等新冠病毒感染相关临床表现,且发病前 14 d 内与新冠病毒感染者有接触史,或有相关封控区、管控区和防范区旅居史。②确诊病例:疑似病例咽/鼻咽拭子标本新冠病毒核酸检测阳性者。③无症状感染者:从 2022 年 11 月 24 日开始,深圳市居民中,新冠病毒病原学检测呈阳性,无发热、干咳、乏力、咽痛、嗅(味)觉减退和腹泻等可自我感知或可临床识别的症状与体征,且医学影像学无新冠

病毒感染特征者。

(2)密切接触者(密接):对疑似病例和确诊病例症状出现前2天开始,或无症状感染者标本采样前2天开始,与其有近距离接触但未采取有效防护的人员。

(3)潜伏期:对有明确单次暴露的新冠病毒感染者作为潜伏期分析对象,计算从暴露到出现发热、干咳和乏力等可自我感知的或临床可识别的症状与体征的间隔天数。如果暴露时间为1个短期的连续时间段,则取该时间段的中位时间点计算潜伏期。

(4)室内外暴露对比:对于有明确单次暴露的病例,根据暴露地点是否为露天环境,分成室内暴露与室外暴露。

(5)序列间隔时间:以有明确的代际传播关系和原发病例、续发病例发病时间的病例为研究对象,计算原发病例和续发病例的发病间隔天数。

(6)代际间隔时间:基于有明确的代际传播关系和原发病例、续发病例可以暴露时间的病例,计算原发病例和续发病例的可疑暴露间隔天数。

(7)基本传染数(R_0):在没有任何措施干预和所有人都是易感人群的环境中,1例感染者平均感染的例数。

(8)实时再生数(R_t):人群具备一定免疫能力的实际场景下,在疾病流行过程的 t 时刻(一般情况下以天为单位)时1例感染者平均感染的例数。

(9)发病日期:确诊病例首次出现新冠病毒感染相关症状的日期,据此获得每日新增发病例数;无症状感染者则以首次阳性样本的采集日期替代。

(10)报告日期:病例在中国疾病预防控制中心信息系统中首次报告日期,据此获得每日新增报告例数。

4. 实验室检测与基因测序:

(1)新冠病毒核酸检测^[11]:由深圳市第三人民医院医护人员采集新冠病毒感染者口咽/鼻咽拭子样本,针对新冠病毒基因组中开放读码框1ab(ORF1ab)和核壳蛋白N,通过实时荧光定量RT-PCR方法展开新冠病毒核酸检测。

(2)新冠病毒全基因组测序:采样后由经过培训的专业人员派送至深圳市CDC。通过全基因组二代测序平台对样本进行测序,从全球共享流感数据倡议组织(GISAID)网站下载新冠病毒基因数据库,对于基因测序coverage值 $\geq 90\%$ 的序列,利用GISAID数据库CoVsurver程序进行本地化数据比

对,采用Pangolin分型法对新冠病毒变异株进行鉴定^[12]。测序分析由深圳市CDC中心实验室完成。

5. 统计学分析:使用Excel 365软件构建数据库。通过Visio 2019软件进行传播链可视化。 R_t 采用R软件EpiNow2 1.3.2包进行计算。采用JMP pro 16.0软件进行统计学分析。潜伏期分析采用Weibull分布、Gamma分布、对数正态分布和sinh-arcsinh分布进行拟合,根据赤池信息准则(AIC)和贝叶斯信息准则(BIC)最小统计量准则选择最佳拟合。通过广义回归根据最佳拟合分布,对室内暴露和室外暴露的潜伏期进行对比。双侧检验,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

结 果

1. 疫情概况:首发病例为深圳市某公司员工(病例1),2022年10月1日与其女友(病例2)在广东省外旅游,6日返回深圳市。流调结果显示,病例1于8日晨起出现发热症状,未测体温,自行服药后缓解。病例1在第1、3、4、6和7天的检测核酸结果为阴性,8日的核酸初筛阳性,入院后确诊为新冠病毒感染病例。病例1在7日晚和8日全天进行社会面活动,存在未佩戴口罩和随地吐痰的行为。

本起疫情累计报告196例新冠病毒感染者,共判定密接33790例,罹患率为0.58%。其中确诊病例126例均为轻型(64.29%)、无症状感染者70例(35.71%)。确诊病例的临床症状依次为咽干咽痛61例(48.41%)、发热50例(39.68%)、咳嗽33例(26.19%)、乏力24例(19.05%)、头痛8例(6.35%)、肌痛7例(5.56%)、流涕7例(5.56%)、腹泻5例(3.97%)、鼻塞5例(3.97%)、头晕4例(3.17%)和畏寒3例(2.38%)。

新冠病毒疫苗接种 ≥ 2 针次的病例占92.35%(181/196),完成3针次的病例占69.90%(137/196)。除首发病例外,其他病例均无国内中高风险区旅居史。深圳市CDC对该起疫情中164例阳性样本新冠病毒全基因组测序结果进行分析,均表明为新冠病毒Omicron BF.7变异株。

2. 流行病学特征:

(1)时间分布:196例新冠病毒感染者中,发病时间为2022年10月8-20日,3个发病高峰的间隔时间分别为2、3和2d,疫情初始时 R_t 值为3.34(95%CI:2.59~4.20)。见图1。

(2)地区分布:涉及深圳市5个区21个街道,其

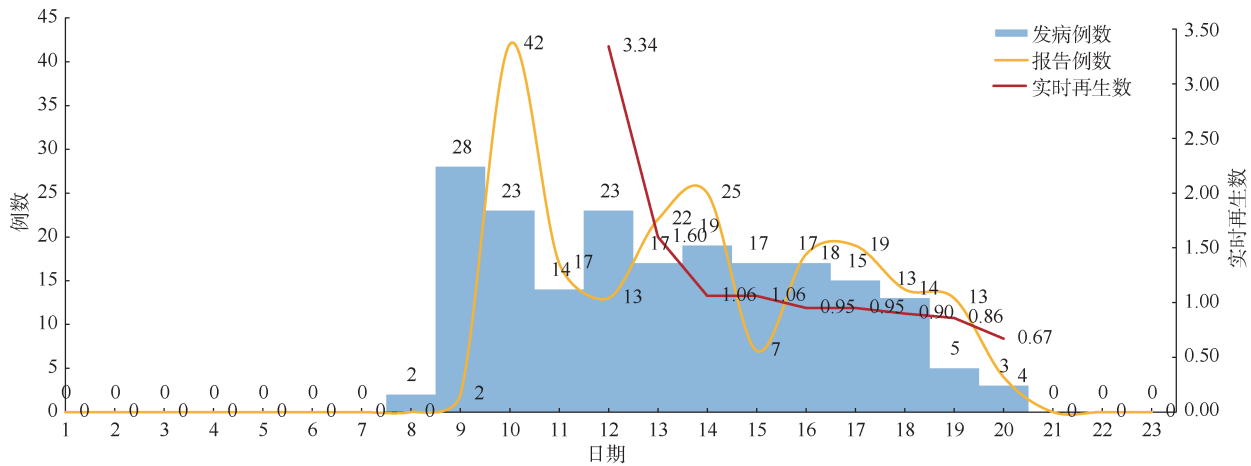


图1 2022年10月深圳市一起新型冠状病毒Omicron BF.7变异株所致暴发疫情的流行曲线与实时再生数变化

中南山区93例(47.45%)、宝安区82例(41.84%)、福田区10例(5.10%)、龙华区7例(3.57%)、龙岗区4例(2.04%);主要涉疫的街道是南山区南山街道(50例,25.51%)、宝安区新安街道(66例,33.67%)。病例1现居住在福田区,工作在南山区,引发本起疫情的主要流行病学史是病例1于10月7日晚在宝安区发生的社会面活动轨迹。

(3)人群分布:男、女性分别为100和96例。年龄 $M(Q_1, Q_3)$ 为33(25,46)岁,年龄范围1~77岁。

3. 传播链:

(1)基本情况:截至2022年10月24日,196例病例之间均存在流行病学关联,根据全基因组测序结果提示,属于同一个传播群组。本起疫情分为4条传播链(图2):①病例1现住址相关(8例):造成同住人员感染1例;造成现住址同一楼栋感染3例,续发感染4例。②病例1社会面活动相关(65例):病例1于10月7日晚参加房屋租赁活动时造成感染8例,续发感染5例;途经餐厅A感染3例,续发感染9例,其中病例26(在餐厅A工作)与病例122(在餐厅D工作)接触,该病例转阳后续发感染11例,其同住人员及其工作场所续发感染19例;途经餐厅B感染2例;途经餐厅C感染1例,续发感染1例;途径市场A感染2例,续发感染4例。③写字楼A相关(病例1工作场所)(48例):病例1于8日前往写字楼A工作,在通勤路上造成感染2例,续发感染3例;造成同办公室同事感染15例;造成同楼层人员感染10例,续发感染2例;造成同办公楼感染8例,续发感染5例;造成工作地点附近感染1例,续发感染2例。④写字楼B相关(毗邻写字楼A)(74例):病例1于8日在写字楼B附近与病例71(在写字楼B工作)接触,该病例转阳

后造成同办公室工作人员感染7例;病例71在写字楼B同楼层及其他楼层活动造成感染8例,续发感染13例;病例71外出工作造成感染1例,续发感染1例;造成同住人员感染1例。另外,病例1于8日在写字楼B附近与病例62(在写字楼B工作)接触,该病例转阳后续发感染41例。

(2)传播代际与基因突变:

①传播代际:在196例病例中,存在明确代际关系的有175例(一~六代病例分别为1、58、59、24、31和2例);代际关系不明确的有21例,其中14例暴露于高风险区内、7例由于同住或同事关系且多次反复接触,均无明确的单次暴露史。代际时间间隔 $M(Q_1, Q_3)$ 为2.47(2.00, 3.37)d,序列间隔 $M(Q_1, Q_3)$ 为2.00(1.54, 2.73)d。

②基因突变分析:共完成162例病例的新冠病毒基因组测序工作(148例病例存在明确代际关系),其中62例病例携带的新冠病毒存在新增突变位点(38.27%, 62/162),表明新冠病毒基因突变比例较高,随着代际的增加,新冠病毒出现基因突变位点即特定单核苷酸多态性(SNP)个数在增加,突变比例也在增加,从一代病例到二代病例,新增1个SNP的比例为9.43%,当传到第六代病例时,新增1个SNP的比例增加到29.05%。在同代际病例的基因突变情况中,65.00%的第四代病例新冠病毒存在基因突变(新增1、2和3个SNP的分别有11、1和1例),且第一次出现3个新增SNP的基因组。表明在同一传播链疫情时,传播1代的新增突变位点1~3个的占比较高。在五代病例出现时,1个病例(病例179)基因位点上新增6个突变位点,发生比例为0.68%。见表1。

③暴露地点:根据单次暴露地点,分为室内暴

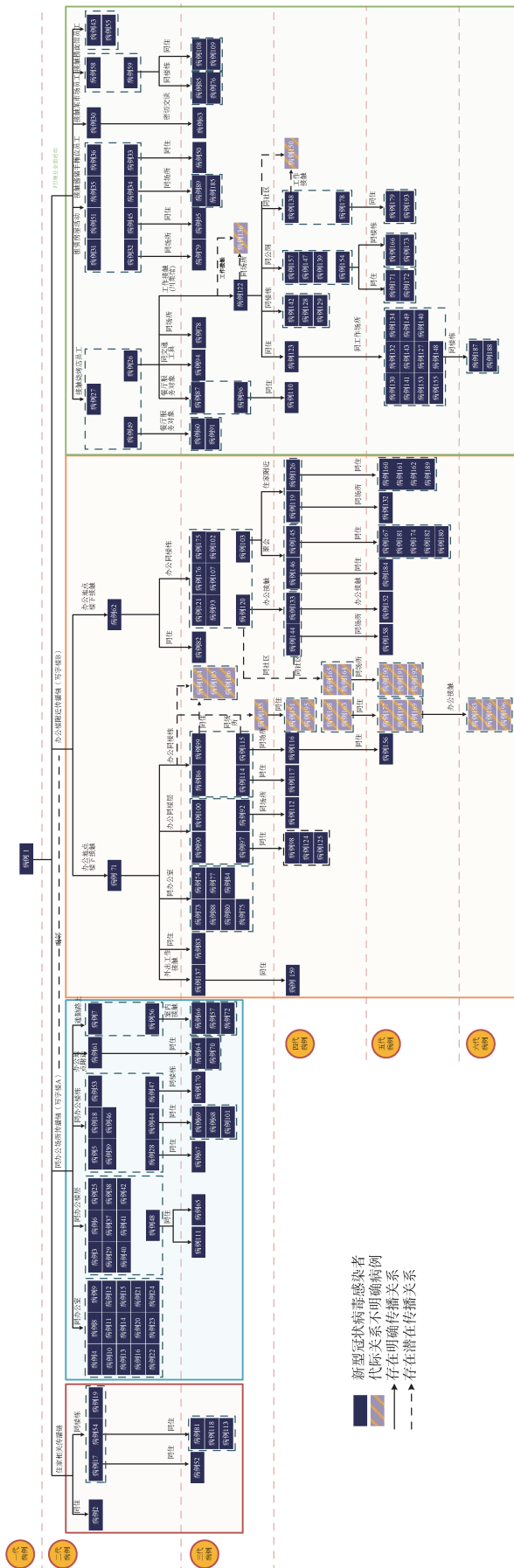


图 2 2022 年深圳市一起新型冠状病毒 Omicron BF.7 变异株所致暴发疫情的传播关系

露和室外暴露。在室内暴露导致感染 142 例 (72.31%), 包括办公场所 67 例、居住场所 63 例、餐厅 5 例、公厕 3 例、交通工具 3 例和地下停车场 1 例; 室外暴露导致感染 53 例 (27.69%), 包括同社区交集 23 例、沿路交集 12 例、露天餐厅 8 例、工作地点附近 7 例、露天市场 2 例和商店门口 1 例。引起 ≥ 3 例续发病例的病例有 15 例, 其中 10 例是在室外接触父代病例被感染。

4. 潜伏期分析: 准确获得暴露时间的病例有 89 例 (45.41%, 89/196)。潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 1.44 (1.11, 2.17) d, 最长潜伏期 3.63 d, 服从 Gamma 分布, AIC 和 BIC 值分别为 204.76 和 209.60。进一步分析结果显示, 室外暴露的潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 1.95 (1.22, 2.99) d, 最长潜伏期 3.63 d; 室内暴露的潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 1.38 (1.06, 1.84) d, 最长潜伏期 3.24 d。根据广义回归分析结果的 2 个 Gamma 分布显示, 室内暴露的潜伏期短于室外暴露的潜伏期, 差异有统计学意义 ($Wald \chi^2=10.27, P=0.001$)。

讨论

本起疫情涉及病例的年龄中位数为 33 岁, 无症状感染者比例 (35.71%) 高于新冠病毒 Delta 变异株的无症状感染者比例 (22.40%)^[3], 与国内外相关研究结果基本一致^[13-14]。相比于天津市 2022 年 1 月 Omicron 变异株引发的聚集性疫情 (家庭聚集传播占 70.90%)^[6]、北京市 2022 年 3 月 Omicron 变异株疫情 (家庭/学校/工作单位内传播占 66.67%)^[15], 本起疫情在室内环境下传播的比例略高 (72.31% 的病例为居家或办公场所被感染)。但需要注意的是, 本起疫情的病例由室外暴露导致感染的比例占 27.69%。提示在疫情防控工作中, 应加强评估病例在户外活动产生的疫情传播风险。

本研究发现, Omicron BF.7 变异株的潜伏期中位数为 1.44 d, 最长潜伏期为 3.63 d, 低于我国北京市 2022 年 3 月份 Omicron BA.2 变异株疫情的潜伏期 4 d (潜伏期范围 2~11 d), 低于韩国 2021 年底 Omicron BA.5 变异株疫情的潜伏期 4.2 d (潜伏期范围 2.0~8.0 d)^[16], 低于国外其他研究对 Omicron 变异株研究的潜伏期 3 d (潜伏期范围 0~8 d)^[5], 低于 Delta 变异株的潜伏期 4.3 d, 以及其他变异株的潜伏期 5.0 d^[3,8]。Omicron BF.7 变异株的潜伏期较既往变异株的潜伏期缩短天数超过 2 d, 这与新冠病毒基因变异进化导致传播速度加快有关^[17-18]。室

表 1 新型冠状病毒 Omicron BF.7 变异株代际关系与基因突变位点个数

病例代际	完成测序 病例数	新增基因突变位点 [中位数(最小值~最大值)]	代内基因突变的 比例(%)	代间基因累计突变 ^a					
				1个	2个	3个	4个	5个	6个
一代	1	-	-	-	-	-	-	-	-
二代	52	1(0~3)	11.54	5(9.43)	1(1.89)	-	-	-	-
三代	50	1(0~1)	24.00	17(16.50)	1(0.97)	-	-	-	-
四代	20	1(0~3)	65.00	28(22.76)	2(1.63)	1(0.81)	-	-	-
五代	23	1(0~6)	78.26	41(27.40)	5(3.42)	2(1.37)	-	-	1(0.68)
六代	2	1(1~1)	100.00	43(29.05)	5(3.38)	2(1.35)	-	-	1(0.67)
不明确	14	1(0~1)	-	-	-	-	-	-	-

注: -:无数据; *括号外数据为病例数, 括号内数据为比例(%)

内和室外暴露 Omicron BF.7 变异株潜伏期存在差异, 室内暴露潜伏期更短。这可能与室内通风条件差, 导致病毒载量升高有关^[19]。Omicron BF.7 变异株潜伏期更短、疫情扩散速度更快, 对尽早发现阳性感染者、快速开展风险区域管控和风险人群排查的时限要求更高。

相比于 2022 年 1 月北京市一起冷链相关 Delta 变异株聚集性疫情的新冠病毒基因突变比例 (12.62%)^[20], 本起疫情中 62 例病例携带的新冠病毒存在新增突变位点 (38.27%), 表明本起疫情新冠病毒基因突变比例较高。随着传播代际的增加, 病毒新增突变位点的比例增加。从一代病例传给二代病例, 增加 1 个突变位点的比例为 9.43%, 增加 2 个突变位点的比例为 1.89%。该结果为疫情传播链条分析时提供线索。当某地区同时发生多起新冠病毒感染疫情时, 可结合流行病学史和新冠病毒测序结果进行综合分析。同一传播链的疫情, 病毒传播 1 代, 新增 1~3 个突变位点的比例较大。

本研究存在局限性。对于存在明确流行病学关联的病例仅 89 例, 样本量较少, 可能会对结果造成影响; 基因分析深度不够, 需进一步开展生物信息学分析和探讨潜伏期缩短与基因突变位点的关系与规律。

综上所述, 本起疫情传播链清晰, 新冠病毒 Omicron BF.7 变异株的潜伏期较短, 传播速度较快, 基因突变比例较高。在疫情处置时, 应加快疫情处置速度, 严格落实防控政策。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

志谢 感谢深圳市宝安区、南山区、福田区、龙岗区、罗湖区、龙华区、大鹏新区、盐田区、坪山区和光明区疾病预防控制中心

作者贡献声明 程雁鹏: 数据分析、论文撰写; 孔东锋、张佳: 清洗数据、数据整理; 吕子全: 实验室检测、基因数据分析; 陈志高、熊华威、路滢、罗青山、吕秋莹、赵锦、温莹、万佳、陆芳芳: 收集数据、研究指导、技术支持; 逯建华、邹旋、张振: 研究指导、论文修改和审阅

参 考 文 献

- 高文静, 王波, 吕筠, 等. 新型冠状病毒肺炎流行现状及应对策略进展[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(1): 22-27. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20201026-01275. Gao WJ, Wang B, Lyu J, et al. Current status of COVID-19 pandemic and progress in response strategy[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(1): 22-27. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20201026-01275.
- 陈奕, 闫克栋, 张栋梁, 等. 新型冠状病毒 Delta 变异株引起的宁波市镇海区本土疫情传播链分析[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(7): 1044-1048. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220214-00116. Chen Y, Yan KD, Zhang DL, et al. Transmission chains of local epidemic of COVID-19 caused by 2019-nCoV Delta variant in Zhenhai district, Ningbo[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(7): 1044-1048. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220214-00116.
- 吴俣, 刘珏, 刘民, 等. 新型冠状病毒 Omicron 变异株的流行病学特征及防控研究[J]. 中国全科医学, 2022, 25(1): 14-19. DOI:10.12114/j.issn.1007-9572.2021.00.348. Wu Y, Liu J, Liu M, et al. Epidemiologic features and containment of SARS-CoV-2 omicron variant[J]. Chin General Pract, 2022, 25(1): 14-19. DOI: 10.12114/j.issn.1007-9572.2021.00.348.
- Pulliam JRC, van Schalkwyk C, Govender N, et al. Increased risk of SARS-CoV-2 reinfection associated with emergence of Omicron in South Africa[J]. Science, 2022, 376(6593): eabn4947. DOI:10.1126/science.abn4947.
- World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants [EB/OL]. (2022-02-22) [2022-03-01]. <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>.
- 张国平, 苏承, 杨杰, 等. 新型冠状病毒 Omicron 变异株引发天津市家庭聚集性疫情的传播特征及影响因素[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(9): 1370-1375. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20220425-00340. Zhang GP, Su C, Yang J, et al. Transmission characteristics and risk factors of household COVID-19 clusters caused by 2019-nCoV Omicron variant in Tianjin[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(9): 1370-1375. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220425-00340.
- 李建英, 陈勇, 陈美平, 等. 新型冠状病毒 Omicron 变异株实验室检测方法及其临床特征分析[J]. 中华检验医学杂志, 2022, 45(4): 360-365. DOI: 10.3760/cma.j.cn114452-20220110-00015. Li JY, Chen Y, Chen MP, et al. Analysis of the laboratory detection methods and clinical characteristics in 2019-nCoV Omicron variants[J]. Chin J Lab Med, 2022, 45(4): 360-365. DOI: 10.3760/cma.j.cn114452-20220110-00015.
- 廖春晓, 王波, 吕筠, 等. 新型冠状病毒 Omicron 变异株病原学及流行病学研究进展[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(11): 1691-1698. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20220929-00829.

Liao CX, Wang B, Lyu J, et al. Progress in research of etiology and epidemiology of 2019-nCoV Omicron variant [J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(11): 1691-1698. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220929-00829.

[9] 呼和浩特新闻网. 呼和浩特首例确诊病例属于新冠病毒奥密克戎变异毒株 BF.7 进化分支 [EB/OL]. (2022-10-02) [2022-10-20]. http://www.huhhot.gov.cn/2022_zwdt/tpxw_56060/202210/t20221002_1383510.html.

[10] 烟台市卫生健康委员会. 烟台本轮疫情源头明确、链条清晰, 病毒基因测序主要为奥密克戎变异株 BF.7 [EB/OL]. (2022-10-10) [2022-10-20]. https://www.yantai.gov.cn/art/2022/10/10/art_50726_3078547.html.

[11] 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(第九版)的通知 [EB/OL]. (2022-03-15) [2022-07-21]. http://www.gov.cn/xinwen/2022-06/28/content_5698168.htm.

[12] Laskar R, Ali S. Differential mutation profile of SARS-CoV-2 proteins across deceased and asymptomatic patients [J/OL]. Chem Biol Interact, 2021, 347: 109598. DOI:10.1016/j.cbi.2021.109598.

[13] Houhamdi L, Gautret P, Hoang VT, et al. Characteristics of the first 1119 SARS-CoV-2 Omicron variant cases, in Marseille, France, November-December 2021 [J]. J Med Virol, 2022, 94(5):2290-2295. DOI:10.1002/jmv.27613.

[14] Kim MK, Lee B, Choi YY, et al. Clinical characteristics of 40 patients infected with the SARS-CoV-2 omicron variant in Korea [J]. J Korean Med Sci, 2022, 37(3):e31. DOI:10.3346/jkms.2022.37.e31.

[15] 杜婧, 王佳敏, 王晶, 等. 北京市新型冠状病毒 Omicron 变异株的传播力研究 [J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(9): 1364-1369. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220410-00274.

Du J, Wang JM, Wang J, et al. Study of transmissibility of 2019-nCoV Omicron variant in Beijing [J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(9): 1364-1369. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220410-00274.

[16] Lee JJ, Choe YJ, Jeong H, et al. Importation and transmission of SARS-CoV-2 B.1.1.529 (Omicron) variant of concern in Korea, November 2021 [J]. J Korean Med Sci, 2021, 36(50):e346. DOI:10.3346/jkms.2021.36.e346.

[17] 王斌, 耿娟, 张荣光, 等. 湖南省新型冠状病毒肺炎流行特征与临床特征 [J]. 中华疾病控制杂志, 2020, 24(7): 830-834. DOI:10.16462/j.cnki.zhjbkz.2020.07.016.

Wang B, Geng J, Zhang RG, et al. Epidemiological and clinical characteristics of COVID-19 in Hunan province [J]. Chin J Dis Control Prev, 2020, 24(7): 830-834. DOI: 10.16462/j.cnki.zhjbkz.2020.07.016.

[18] 赵文恒, 马钰, 汪慧, 等. 广州市 3 起本地新型冠状病毒肺炎疫情流行特征及分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(12): 2088-2095. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210728-00592.

Zhao WH, Ma Y, Wang H, et al. Epidemiological characteristics of three local epidemics of COVID-19 in Guangzhou [J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(12):2088-2095. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210728-00592.

[19] Noorimotlagh Z, Jaafarzadeh N, Martínez SS, et al. A systematic review of possible airborne transmission of the COVID-19 virus (SARS-CoV-2) in the indoor air environment [J/OL]. Environ Res, 2021, 193:110612. DOI: 10.1016/j.envres.2020.110612.

[20] 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.

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							