

· 新型冠状病毒肺炎疫情防控 ·

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

陈奕¹ 闫克栋² 张栋梁¹ 易波¹ 王爱红¹ 雷松¹ 洪航¹ 褚衍茹¹ 许国章¹

¹宁波市疾病预防控制中心, 宁波 315010; ²宁波市镇海区疾病预防控制中心, 宁波 315200

陈奕和闫克栋对本文有同等贡献

通信作者: 许国章, Email: xugz@nbcdc.org.cn

【摘要】 目的 调查新型冠状病毒(新冠病毒)Delta 变异株引起的宁波市镇海区本土聚集性疫情, 分析其传播链, 为新型冠状病毒肺炎(COVID-19)疫情防控提供参考依据。方法 资料来源于现场调查收集 2021 年 12 月 6-18 日宁波市镇海区新冠病毒感染者个案信息。采用现场流行病学调查方法, 描述 COVID-19 病例流行病学特征和传播链。结果 首例病例为途经中风险地区, 直接或间接接触阳性感染者而感染新冠病毒, 后继出现家庭内聚集性疫情, 并通过工作、生活、艾灸养生活动等密切接触而传播。疫情共持续 14 d, 共报告确诊病例 74 例, 潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 4.0(3.0, 5.8)d。所有病例均在一条传播链上, 传播 6 代以上, 代间距 $M(Q_1, Q_3)$ 为 3.5(2.0, 5.3)d。基因测序结果为 Delta 变异株 (AY.4 进化分支), 流行病学调查和基因测序结果均显示宁波市镇海区本土疫情与上海市疫情为同一起关联疫情。结论 本起疫情传播链清晰, Delta 变异株 (AY.4 进化分支) 具有明显的家庭、封闭场馆、集中居住地聚集性, 要加强重点区域、重点人群健康管理, 提高核酸检测频次。

【关键词】 Delta 变异株; 新型冠状病毒肺炎; 聚集性; 传播链

基金项目: 宁波市“科技创新 2025”重大专项(2021Z021); 宁波市医疗卫生品牌学科 (PPXK2018-10); 宁波市应急科技攻关重大专项(2022Z034)

Transmission chains of local epidemic of COVID-19 caused by 2019-nCoV Delta variant in Zhenhai district, Ningbo

Chen Yi¹, Yan Kedong², Zhang Dongliang¹, Yi Bo¹, Wang Aihong¹, Lei Song¹, Hong Hang¹, Chu Yanru¹, Xu Guozhang¹

¹Ningbo Municipal Center for Disease Control and Prevention, Ningbo 315010, China; ²Zhenhai District of Ningbo Municipal Center for Disease Control and Prevention, Ningbo 315200, China

Chen Yi and Yan Kedong contributed equally to the article

Corresponding author: Xu Guozhang, Email: xugz@nbcdc.org.cn

【Abstract】 **Objective** To investigate the local epidemic of COVID-19 caused by 2019-nCoV Delta variant in Zhenhai district of Ningbo, identify the transmission chain and provide reference for the prevention and control of COVID-19 epidemic. **Methods** The incidence data of COVID-19 in Zhenhai from 6 to 18 December, 2021 were collected in field investigation. Field epidemiological investigation was conducted to understand the epidemiological characteristics of COVID-19 cases and analyze the transmission chains. **Results** The first case might be infected with 2019-nCoV through direct or indirect exposure when passing through a medium-risk area, then a family cluster was caused, and the epidemic spread through close contacts of family members with others such as work, daily life, and moxibustion. The epidemic lasted for 14 days, and 74 confirmed COVID-19 cases were reported. The median incubation period was 4.0(3.0, 5.8)d. All the cases were in a chain of transmission for more than 6 generations, and the intergenerational interval was 3.5(2.0, 5.3)d. The gene sequencing result indicated that the pathogen was Delta AY.4 variant of 2019-nCoV. Both the epidemiological investigation and the gene sequencing results supported that

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220214-00116

收稿日期 2022-02-14 本文编辑 张婧

引用格式: 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.



the local COVID-19 epidemic in Zhenhai was associated with the COVID-19 epidemic in Shanghai. **Conclusions** The transmission chain of this epidemic was clear. Delta AY.4 variant has obvious characteristic to cause case clusters in families, places with poor ventilation, and residential communities. It is suggested to strengthen the health management in key areas and key populations, and increase the frequency of nucleic acid testing.

【Key words】 Delta variant; COVID-19; Cluster; Transmission chain

Fund programs: Major Special Project of Science and Technology Innovation 2025 in Ningbo (2021Z021); Ningbo Health Branding Subject Fund (PPXK2018-10); Ningbo Emergency Science and Technology Major Project (2022Z034)

新型冠状病毒(新冠病毒)引起的新型冠状病毒肺炎(COVID-19)仍处于全球大流行发展阶段,全国时有散发病例和聚集性疫情发生^[1-3],随着 COVID-19 疫情在全球的持续蔓延,新冠病毒在长期扩散中不断变异。Delta 变异株是继 Alpha 变异株之后的高传播性关切变异株,于 2020 年 10 月在印度发现。截至 2021 年 12 月,Delta 变异株序列数约占全球已测序 COVID-19 病例的 60%,至少在 178 个国家传播。Delta 变异株仍在继续变异和进化,目前已分化出 210 种亚变种(Pango 命名法),这些亚变种中以 AY.4 最为常见^[4-6]。

2021 年 12 月,中国宁波市镇海区发生一起本土 COVID-19 聚集性疫情,流行病学调查(流调)结果显示,本起疫情由新冠病毒 Delta 变异株(AY.4 进化分支)引起,共报告 COVID-19 确诊病例 74 例,所有病例感染来源调查及本地传播路径清晰,仅波及镇海区 1 个街道 7 个社区或城中村,未造成疫情扩散外溢。本研究通过分析该起疫情流行特征与传播关系,为 COVID-19 疫情防控提供参考依据。

对象与方法

1. 调查对象:来源于疫情现场流调获得的 2021 年 12 月 6-18 日宁波市镇海区新冠病毒感染者(确诊病例和无症状感染者)个案信息。

2. 调查方法和内容:采用现场流调方法,包括个案调查、信息报告及查阅病历等,结合公安大数据轨迹排查定位技术,收集病例发病及就诊、流行病学史、密切接触者(密接)等信息,个人信息予以保密。

3. 实验室检测:采集调查对象的呼吸道标本(鼻咽拭子、咽拭子和深咳痰液)。核酸检测参照新冠病毒样本采集和检测技术指南要求进行。由浙江省 CDC、宁波市 CDC 对阳性样本进行新冠病毒基因序列测定,并在第一时间将测序结果和样本报送中国 CDC 进行比对。宁波市 CDC 采用了纳米孔公司发布的关于新冠病毒测序的实验流程,利用针

对新冠病毒特异性的 98 对引物对阳性样本的 cDNA 进行 PCR 扩增,靶向富集新冠病毒基因组序列片段,进行测序文库的构建。

4. 相关定义:COVID-19 聚集性疫情、确诊病例、无症状感染者等定义参照《新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)》^[7]。密接的判定依据浙江省防控要求,指疑似病例和确诊病例的症状出现前 5 d 或无症状感染者的标本采样前 5 d 开始,与其有近距离接触但未采取有效防护的人员。密接的密接(次密)的判定为密接与确诊病例或无症状感染者的首次接触(确诊病例发病前 2 d 或无症状感染者标本采样前 2 d 至被隔离管理前这段时间内,密接与确诊病例或无症状感染者的第一次接触)至该密接被隔离管理前,与密接有共同居住生活、同一密闭环境工作、聚餐和娱乐等近距离接触但未采取有效防护的人员。封控区、管控区和防范区依据《新型冠状病毒肺炎疫情防控社区防控方案》,根据感染者的活动范围和停留时间等实际情况评估后划分。潜伏期:选择单次暴露的确诊病例计算潜伏期,以中位潜伏期表示;代间距:原发病例的发病日期与其传播感染导致的续发病例发病日期的间隔时间。

5. 统计学分析:采用 Excel 2020 软件建立数据库,按照病例发病日期绘制流行曲线,进行三间分布描述;定性资料采用率或构成比描述,定量资料呈偏态分布的采用 $M(Q_1, Q_3)$ 描述。传播链示意图用 Drawio 流程图制作。

结 果

1. 三间分布:首例病例为有过外省中风险地区旅居史的人员,回宁波市镇海区后实施 14 d 日常健康监测管理,在解除日常健康监测前进行最后一次核酸检测时发现新冠病毒核酸阳性。截至 2021 年 12 月 18 日 24 时,镇海区累计报告确诊病例 74 例,无症状感染者 0 例。部分确诊病例的鼻咽拭子标本经浙江省 CDC、宁波市 CDC 新冠病毒全基因组测序分

析结果显示,确定为 Delta 变异株(A.Y.4 进化分支)。

(1) 时间分布: 首例病例发病时间在 11 月 25 日, 报告时间在 12 月 6 日, 首例病例发现时已至少传播 3 代。其余病例发病时间在 11 月 29 日至 12 月 17 日, 发病高峰出现在 12 月 10-11 日, 占发病总数的 32.43%(24/74)。12 月 6 日报告首例病例, 12 月 7 日全市启动 I 级应急响应, 镇海区实施封闭管理, 12 月 19 日解除 I 级应急响应。见图 1。

(2) 人群分布: 确诊病例年龄分布较广, 最小 2 岁, 最大 80 岁, 其中 >60 岁 20 人, 占 27.02%; 年龄 $M(Q_1, Q_3)$ 为 52.0(39.3, 61.0) 岁。男女比例为 1.31:1。职业以工人(55.40%, 41/74)和家务待业(27.03%, 20/74)为主, 其他职业包括干部职员(9.46%, 7/74)、学生与儿童(6.76%, 5/74)和农民(1.35%, 1/74)。

(3) 地区分布: 74 例确诊病例分布于宁波市镇海区 1 个街道 7 个社区或城中村, 半径 2 km 范围内。其中以 H 工地集中居住点确诊病例数最多(36.49%, 27/74), 其次是 W 村(22.97%, 17/74)和 L 小区(22.97%, 17/74)。

2. 潜伏期与临床分型: 选取单次暴露且暴露时间明确的 17 例确诊病例计算潜伏期, 潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 4.0(3.0, 5.8)d, 临床分型以轻型为主, 轻型、普通型和重型分别占 87.84%(65/74)、10.81%(8/74)和 1.35%(1/74)。

3. 传播场所与发现方式: 疫情早期发现方式以封控区例行采样和居家隔离采样发现为主, 随着管控措施的逐步落实, 疫情中后期的确诊病例均在集中隔离点检测发现。其中集中隔离点检测发现 45 例(60.81%), 封控区例行采样发现 22 例(29.73%), 居家隔离采样发现 7 例(9.46%)。

4. 传播链分析: 所有确诊病例均在一条传播链上, 无感染来源不明的病例。首例病例首先在家庭

内传播(2 代, 2 例), 由家庭成员传染给同事(3 代, 1 例), 再由被感染的同事通过 A 艾灸养护中心内活动造成多人感染(4 代, 艾灸养护中心直接暴露发病 18 例, 家庭、同事传播 5 例), 然后由该中心的病例在家庭内、W 村内引起续发感染(5 代, 20 例), 被感染病例通过早餐售卖等环节, 进一步传入 H 工地集中居住点, 引起集中居住地聚集性疫情(6 代及以上, 27 例)。疫情传播 6 代以上, 代间距 $M(Q_1, Q_3)$ 为 3.5(2.0, 5.3)d。本起疫情涉及场馆、社区、集中居住地聚集性疫情各 1 起, 其中包含了 11 起家庭聚集性疫情。见图 2。

(1) 首例病例感染发病情况: 首例病例于 11 月 22 日在上海市出差途经中风险地区, 不能排除与已知病例或未知感染者通过直接或间接接触而感染新冠病毒的可能。返回宁波市镇海区后, 11 月 25 日即出现畏寒、乏力和发热等症状。当天主动就诊, 新冠病毒核酸检测阴性。11 月 26 日至 12 月 3 日落实健康监测, 12 月 5 日健康监测解除前核酸检测显示异常, 6 日复检新冠病毒核酸阳性。同时引起家庭内传播, 导致母亲(病例 2)和妻子(病例 3)感染。病例 2 又通过共同工作传染给病例 7。

(2) A 艾灸养护中心聚集疫情: A 艾灸养护中心为一封闭式公共场所, 空间狭小密闭, 通风不良, 多个点位采样检出新冠病毒核酸阳性。顾客以老年人为主, 个人防护不良。该起疫情于 12 月 7 日报告首例病例, 由病例 7 频繁出入 A 艾灸养护中心引入。导致直接暴露于养护中心的续发病例 18 例, 并引起 W 村和 H 工地集中居住点续发疫情。

(3) W 村聚集疫情: 共报告 17 例确诊病例。A 艾灸养护中心暴露的人员中有 5 例病例居住于该村。该村为城中村, 居住环境拥挤, 5~10 户家庭共同使用同一个院落, 共用 1 个卫生间, 卫生间卫生条件较差且通风不良, 外环境采样多个点位新冠病毒核酸阳性, 提示可能通过家庭内传播、共用卫生间、暴露于污染的环境引起疫情传播扩散。

(4) H 工地集中居住点聚集疫情: H 工地集中居住点为 4 个建筑公司工人集中居住地, 引入病例 21 居住在 W 村, 为 H 工地集中居住点食堂早餐厨

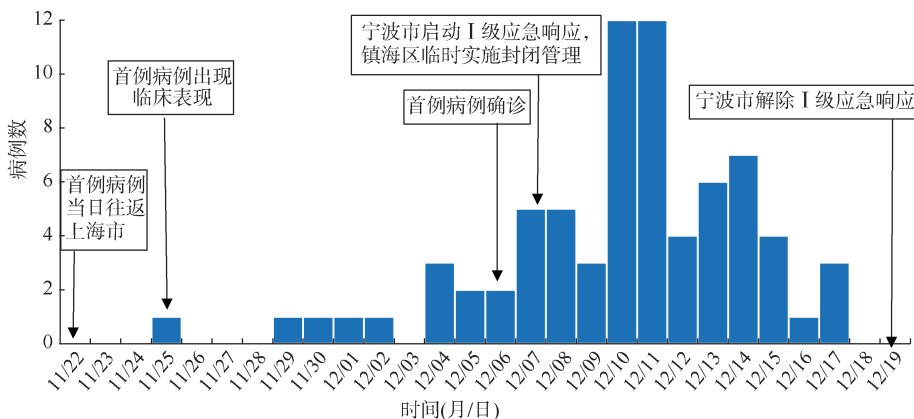


图 1 宁波市镇海区新型冠状病毒肺炎聚集性疫情发病时间及防控措施

师,在早餐制作与售卖过程中与多名工人接触,导致传播,继而通过同宿舍居住、共同就餐、同一班组工作导致疫情在集中居住点扩散。12月10日报告首例病例,该起疫情共报告27例确诊病例。

(5)家庭聚集疫情:共有11起,其中涉及家庭中人数最多的有8例,最少的为2例,有5户家庭续发率高达100.00%,平均续发率为68.00%。

5. 感染来源分析:根据流调、病例行动轨迹排查及全基因测序比对结果,首例病例于上海市出差时途经中风险地区,感染新冠病毒后出现家庭内聚集性疫情,进而通过工作、生活、艾灸养生活活动等密切接触传播而扩散。经宁波市 CDC 对首例病例标本3代测序结果证实为 Delta 变异株(A.Y.4 进化分支)。浙江省 CDC 对首例病例环境样本测序,经中国 CDC 序列比对证实与上海市3例感染者病毒基因共享47个核苷酸突变位点,病毒基因组高度同源,属于 Delta 变异株(A.Y.4 进化分支)。流调和基因测序结果均支持宁波市该起疫情与上海市疫情病例的病毒基因组序列高度同源,为同一起关联疫情。

过中风险地区偶发感染引入。74例确诊病例均属同一传播链,所有确诊病例的活动轨迹明确,本地传播路径清晰。首例病例于11月22日被感染,11月25日出现临床症状,12月6日确诊,确诊时距感染已超过15 d,距发病已超过10 d,疫情已传播3代以上。疫情出现后,宁波市迅速果断采取防控措施,全市启动 I 级应急响应,镇海区全域实施封闭管理,科学划设防控区域,严格落实各项防控措施,迅速阻断了疫情的进一步传播。本起疫情中,精确的感染来源流调,明确病例的传播链是疫情控制关键之一,通过传播链追溯和分析,发现多个暴发点,及时开展风险区域管控、涉疫人员迁移管控,迅速控制了疫情的扩散。马启玲等^[8]认为利用大数据追踪技术,积极追踪确诊病例的传播证据链,及时确定密接,在控制疫情中起到关键作用。

本起疫情病例发病呈现场所和家庭聚集性,艾灸馆、城中村、工地集中居住点等均为疫情暴发的高风险场所。艾灸馆等养生场所空间狭小密闭不通风,服务对象以老年人为主,个人防护不良,引起局部暴发风险较高,可能暴露于污染环境通过气溶胶传播,引起疫情扩散^[9]。在疫情流行期间,要重点关注此类场所的疫情防控,必要时采取暂时停止营业的措施。城中村和工地集中居住点均存在

讨 论

本起疫情是由首例病例在上海市出差期间经

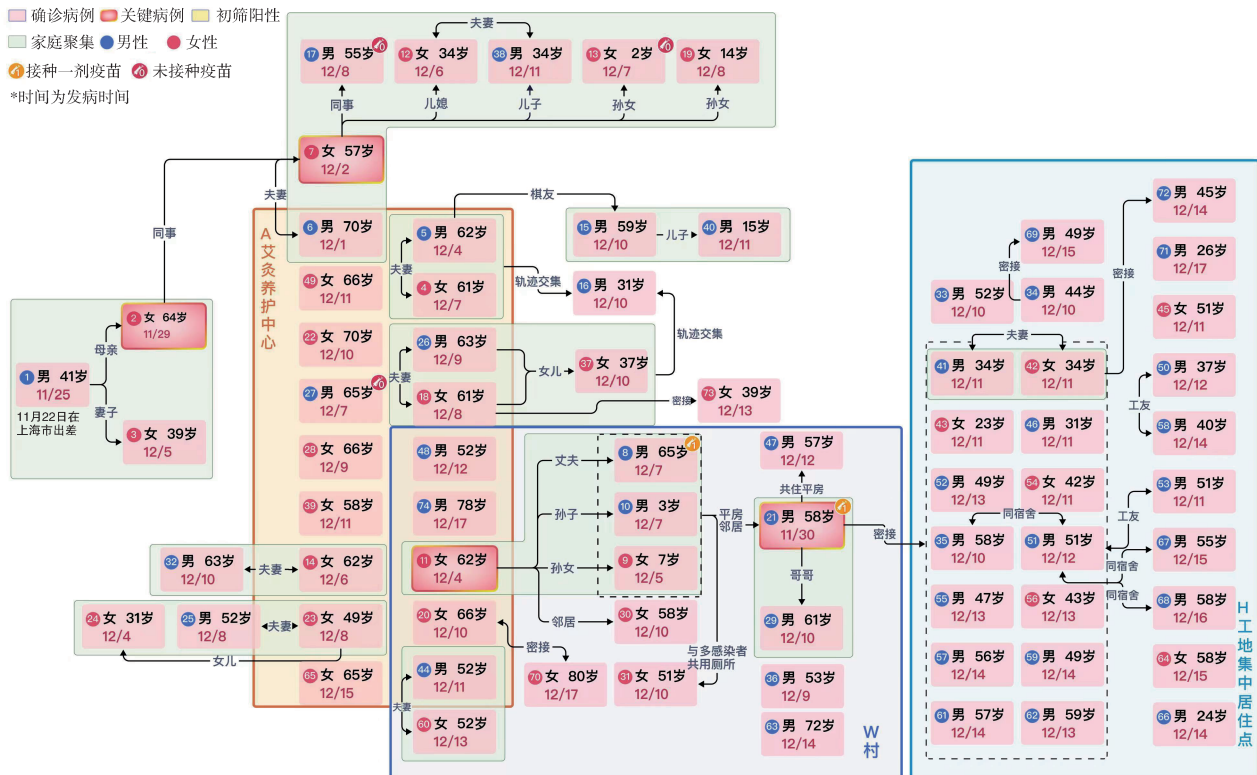


图2 宁波市镇海区新型冠状病毒肺炎聚集性疫情传播链

居住人员密度高、多人共用卫生间、厨房等问题,在卫生间、厨房等共用空间检出多个阳性点位,也是疫情暴发的高风险场所。对于此类暴发点的管理,除了精准管控密接和次密外,要做好公共场所彻底的终末消毒,高度关注居家隔离人员的管控措施落实情况,在不能满足单人单独卫生间的条件下,尽量将区域内的居家隔离人员转移至集中隔离点或者其他满足居家隔离条件的住所,避免疫情进一步传播扩散。本起疫情家庭平均续发率达 68.00%,最高达到 100.00%,提示长时间共同居住、高频接触传播仍是 COVID-19 疫情传播的主要模式。

本起疫情由 Delta 变异株 (AY.4 进化分支) 引起,国内于 2021 年 11 月在我国上海市被发现报道,与 11 月 13 日从波兰华沙入境我国山西省太原市的 CA738 航班 3 例输入病例病毒基因组序列高度同源。AY.4 是继 B.1.617.2 之后流行的 Delta 变异株亚型,截至 2021 年 12 月 27 日,全球 Delta 变异株的总体流行率为 59.29%, B.1.617.2 的流行率为 2.82%, AY.4 的流行率为 12.55%^[10-12]。从全球报告的数据来看,AY.4 的传播力没有明显变强的趋势^[13-14]。本起疫情确诊病例中、老年人占比较大,年龄中位数 52.0 岁。症状总体较轻,74 名确诊病例中仅有 1 例诊断为重型,其余均为普通型和轻型,其中轻型占了 87.84%。提示 Delta 变异株 (AY.4 进化分支) 传染性较强,而致病力较弱。

本起疫情潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 为 4.0 (3.0, 5.8) d, 与北京市某市场 COVID-19 相关聚集性疫情潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 的 5.0 (3.0, 8.0) d^[3]、Delta 变异株引起的广州市本土疫情潜伏期 $M(Q_1, Q_3)$ 的 5.1 (3.8, 7.3) d 均相近^[15]。本起疫情代间距 $M(Q_1, Q_3)$ 为 3.5 (2.0, 5.3) d。孙亚敏等^[3]对北京市某市场 COVID-19 相关聚集性疫情传播链分析显示,代间距中位数为 5 d^[3], Li 等^[16]对武汉市早期 COVID-19 病例传播动力学分析显示,5 起独立的聚集性疫情中能够明确代际关系的病例代间距为 3~9 d。本起疫情代际传播时间短于北京市与武汉市疫情。提示 Delta 变异株传播速度加快,导致防控难度增加,需要采取更快速、更有力的管控措施才能有效控制疫情传播蔓延。

综上所述,本起疫情 Delta 变异株 (AY.4 进化分支) 传染性较强,传播速度较快,具有明显的家庭聚集性和高风险场所聚集性,宁波市通过实施快速果断的防控措施,使疫情得以快速控制。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 陈奕:撰写文章、分析数据;张栋梁:分析数据、修

改文章;易波、王爱红、洪航:解释数据、审阅文章;雷松、闫克栋、褚衍茹:采集数据、分析数据;许国章:构思设计、审阅文章、项目管理、经费支持

参 考 文 献

- [1] 郭建花,张世勇,刘晓松,等.石家庄市藁城区新型冠状病毒肺炎暴发疫情流行特征分析[J].中华流行病学杂志, 2021, 42(10):1769-1773. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210430-00359. Guo JH, Zhang SY, Liu XS, et al. Epidemiological characteristics of COVID-19 outbreak in Gaocheng district of Shijiazhuang[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(10): 1769-1773. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210430-00359.
- [2] 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.cn112338-20210126-01275. 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. cn112338-20210126-01275.
- [3] 孙亚敏,刘锋,蔡伟,等.北京市某市场新型冠状病毒肺炎相关聚集性疫情传播链分析[J].中华流行病学杂志, 2021, 42(3):427-432. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-2021027-01285. Sun YM, Liu F, Cai W, et al. Transmission chains of clusters of COVID-19 associated with a market in Beijing[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(3): 427-432. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-2021027-01285.
- [4] Delta variant report[EB/OL]. [2021-12-28]. <https://outbreak.info/situation-reports/delta?loc=IND&loc=GBR&loc=USA&selected>.
- [5] AY.4 lineage report[EB/OL]. [2021-12-28]. <https://outbreak.info/situation-reports?pango=AY.4>.
- [6] Cherian S, Potdar V, Jadhav S, et al. SARS-CoV-2 spike mutations, L452R, T478K, E484Q and P681R, in the second wave of COVID-19 in Maharashtra, India[J]. Microorganisms, 2021, 9(7): 1542. DOI: 10.3390/microorganisms9071542.
- [7] 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)[2021-07-21]. <http://www.nhc.gov.cn/jkj/s3577/202105/6f1e8ec6c4a540d99fafef52fc86d0f8.shtm>.
- [8] 马启玲,李萍,陈晓莉,等.1 665 名新型冠状病毒肺炎密切接触者医学观察情况分析[J].中华流行病学杂志, 2020, 41(12): 2020-2023. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20200227-00197. Ma QL, Li P, Chen XL, et al. Analysis on medical observation of 1 665 close contacts of COVID-19 cases[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(12):2020-2023. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200227-00197.
- [9] Shen Y, Li CW, Dong HJ, et al. Community outbreak investigation of SARS-CoV-2 transmission among bus riders in Eastern China[J]. JAMA Intern Med, 2020, 180(12): 1665-1671. DOI: 10.1001/jamainternmed.2020.5225.
- [10] Lassaunière R, Polacek C, Fonager J, et al. Neutralisation of the SARS-CoV-2 Delta variant sub-lineages AY.4.2 and B.1.617.2 with the mutation E484K by Comirnaty (BNT162b2 mRNA) vaccine-elicited sera, Denmark, 1 to 26 November 2021[J]. Euro Surveill, 2021, 26(49): 2101059. DOI:10.2807/1560-7917.ES.2021.26.49.2101059.
- [11] 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.
- [12] Umair M, Ikram A, Rehman Z, et al. Genomic diversity of SARS-CoV-2 in Pakistan during fourth wave of pandemic [Z]. bioRxiv, 2021. DOI:10.1101/2021.09.30.21264343.
- [13] Mlcochova P, Kemp S, Dhar MS, et al. SARS-CoV-2 B.1.617.2 delta variant replication, sensitivity to neutralising antibodies and vaccine breakthrough[Z]. bioRxiv, 2021. DOI:10.1101/2021.05.08.443253.
- [14] Eales O, Page AJ, Martins LDO, et al. SARS-CoV-2 lineage dynamics in England from September to November 2021: high diversity of Delta sub-lineages and increased transmissibility of AY.4.2[Z]. medRxiv, 2021. DOI:10.1101/2021.12.17.21267925. (published online ahead of print).
- [15] 李文艳,杜志成,王莹,等.新型冠状病毒 Delta 变异株引起的广州市荔湾区本土疫情流行特征分析[J].中华流行病学杂志, 2021, 42(10): 1763-1768. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20210613-00472. Li WY, Du ZC, Wang Y, et al. Epidemiological characteristics of local outbreak of COVID-19 caused by SARS-CoV-2 Delta variant in Liwan district, Guangzhou[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(10):1763-1768. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210613-00472.
- [16] 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.