

· 公共卫生与预防医学 ·

## 江苏省 SARS-CoV-2 Delta 变异株引起的 COVID-19 的流行病学特征

魏艳秋<sup>1</sup>, 何薇<sup>1</sup>, 孙伟<sup>2</sup>, 王新民<sup>3</sup>, 吴超杰<sup>1</sup>, 张明顺<sup>4</sup>, 黄茂<sup>1</sup>, 吉宁飞<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>南京医科大学第一附属医院呼吸与危重症医学科, 江苏 南京 210029; <sup>2</sup>无锡市锡山人民医院呼吸与危重症医学科, 江苏 无锡 214105; <sup>3</sup>沭阳县中医院呼吸与危重症医学科, 江苏 宿迁 223699; <sup>4</sup>南京医科大学免疫学系, 国家卫生健康委员会抗体技术重点实验室, 江苏 南京 211166

**[摘要]** **目的:**对江苏省由严重急性呼吸综合征冠状病毒2(severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, SARS-CoV-2) Delta 变异株引起的新型冠状病毒肺炎(coronavirus disease 2019, COVID-19)的流行病学特征进行分析总结。**方法:**通过在江苏省南京市及扬州市卫生健康委员会官方网站及官方公众号收集江苏省2021年7月20日—8月28日 COVID-19 本土病例的相关数据,进行流行病学特征分析。**结果:**江苏省 SARS-CoV-2 Delta 变异株引起的 COVID-19 病例累计报告 820 例,病死率为 0。其中,男 341 例(41.6%),中位年龄为 48 岁, < 20 岁 111 例(13.6%)。轻型、普通型、重型病例的中位年龄差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。中位潜伏期为 9.5(7.5, 11.0)d。中位代际间隔为 3(2, 5)d,一代至二代与二代至三代、二代至三代与三代至四代的代际间隔差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。首次核酸检测灵敏度为 77.7%。此次疫情共发生 3 起“超级传播者”事件。**结论:**SARS-CoV-2 Delta 变异株传染性强,传播速度快,各年龄段人群普遍易感,且有年轻化趋势,重型常见于老年人。建议中高风险地区对于有发热、咳嗽等症状的患者多次测核酸以降低假阴性风险。

**[关键词]** Delta 变异株;新型冠状病毒肺炎;流行病学特征

**[中图分类号]** R563.1

**[文献标志码]** A

**[文章编号]** 1007-4368(2022)02-245-07

**doi:** 10.7655/NYDXBNS20220217

## Epidemiological characteristics of SARS - CoV - 2 Delta variant infections in Jiangsu Province, China

WEI Yanqiu<sup>1</sup>, HE Wei<sup>1</sup>, SUN Wei<sup>2</sup>, WANG Xinmin<sup>3</sup>, WU Chaojie<sup>1</sup>, ZHANG Mingshun<sup>4</sup>, HUANG Mao<sup>1</sup>, JI Ningfei<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Respiratory and Critical Care Medicine, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing 210029; <sup>2</sup>Department of Respiratory and Critical Care Medicine, Xishan People's Hospital of Wuxi City, Wuxi 214105; <sup>3</sup>Department of Respiratory and Critical Care Medicine, Shuyang Hospital of Traditional Chinese Medicine, Suqian 223699; <sup>4</sup>Department of Immunology, Key Laboratory of Antibody Techniques, National Health Commission, Nanjing Medical University, Nanjing 211166, China

**[Abstract]** **Objective:** This study aims to analyze the epidemiological characteristics of the outbreak caused by severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) Delta variant in Jiangsu Province and to provide scientific basis for epidemic prevention and control. **Methods:** The coronavirus disease 2019 (COVID-19) data, reported from July 20 to August 28 in Jiangsu Province, such as basic information, epidemiological history, date of diagnosis, was collected for statistical descriptive analysis. **Results:** During periods of investigation time, there were 820 cases in Jiangsu Province, and the fatality rate was of all cases 0. Of all cases 0.341 (41.6%) were male. The median age was 48 years. At the time of diagnosis, differences of the median age between mild, moderate and severe cases were statistically significant ( $P < 0.05$ ). The median incubation period was 9.5 (7.5, 11) days. The median serial interval was 3 (2, 5) days. Differences in serial intervals between 1<sup>st</sup> to 2<sup>nd</sup> and 2<sup>nd</sup> to 3<sup>rd</sup> generation were statistically significant ( $P < 0.001$ ), 2<sup>nd</sup> to 3<sup>rd</sup> and 3<sup>rd</sup> to 4<sup>th</sup> generation were statistically significant ( $P < 0.05$ ). The sensitivity of the first nucleic acid

**[基金项目]** 江苏省重点研发计划(BE2020616)

\*通信作者(Corresponding author), E-mail: jiningfei@163.com

testing was 77.7%. There were 3 super communicators in the epidemic. **Conclusion:** The SARS-CoV-2 Delta variant is with high transmissibility and spreads rapidly. All age groups are susceptible the Delta variant, and the age was trending younger. Severe cases are more likely to occur in the elderly. Multiple nucleic acid tests are recommended for patients with fever, cough and other symptoms in medium-high risk areas.

[Key words] Delta variant; COVID-19; epidemiological characteristics

[J Nanjing Med Univ, 2022, 42(02): 245-251]

新型冠状病毒肺炎(coronavirus disease 2019, COVID-19)由感染严重急性呼吸系统综合征冠状病毒2型(severe acute respiratory syndrome coronavirus 2, SARS-CoV-2)引起,严重威胁了民众的生命健康。自2019年底COVID-19疫情暴发,我国采取严格的防控措施成功控制了疫情的第一次大规模暴发,然而COVID-19仍在世界范围内流行并不断产生新的变异株,例如Alpha、Beta、Gamma、Delta等变异株<sup>[1]</sup>。其中,Delta变异株首次于2020年10月在印度发现,迅速波及多个国家和地区,与传统毒株相比,Delta变异株的传染性更强、病毒载量高,且易致重症,世界卫生组织在2021年5月将其列为SARS-CoV-2需要全球关注的变异株(variant of concern, VOC),目前Delta变异株已成为全球最主要的流行株<sup>[1-2]</sup>。继2021年5月我国广东疫情后,2021年7月20日,南京禄口国际机场工作人员定期核酸检测样品中发现阳性样本9例,基因组测序结果均提示Delta变异株,自此,Delta变异株在我国引起了新一轮疫情暴发。为进一步了解此次疫情的流行病学特点,本文总结分析了江苏省内本土COVID-19病例的相关数据,旨在为Delta变异株引起的COVID-19的防控提供思路和借鉴。

## 1 资料和方法

### 1.1 资料

收集2021年7月20日00:00—8月28日24:00江苏省、南京市及扬州市卫生健康委员会官方网站及官方公众号公布的COVID-19病例的相关信息,包括:病例的人口学特征(性别、年龄)、流行病学接触史、核酸检测阳性日期、确诊日期、诊断分型等。江苏省人口数参考《江苏省第七次全国人口普查公报》<sup>[3-4]</sup>。流行病学接触史定义为患者发病14 d内有南京禄口机场暴露史或湖南张家界旅居史或接触确诊病例、无症状感染者。开始暴露日期定义为患者首次有流行病学接触史的日期;最后暴露日期定义为患者最后有流行病学接触史的日期;若患者为单次暴露,则开始暴露日期与最后暴露日期相同。

“超级传播者”定义为短时期内感染10人以上的COVID-19患者<sup>[5]</sup>。

### 1.2 方法

对确诊病例的时间分布、空间分布、人口学特征等基本信息、诊断分型、流行病学接触史等进行分析描述。纳入有明确暴露时间的病例进行潜伏期计算,以确诊日期与开始暴露日期之差作为个体潜伏期上限,以确诊日期与最后暴露日期之差作为个体潜伏期下限,以上述两个差值的平均值作为个体潜伏期。用感染者与被其感染的续发病例确诊的日期间隔估算代际间隔。

### 1.3 统计学方法

采用EXCEL 2010和SPSS 19.0统计软件处理数据,正态分布的计量资料以均数±标准差( $\bar{x} \pm s$ )表示,偏态分布的计量资料以中位数(四分位数)[ $M(P_{25}, P_{75})$ ]表示,计数资料以百分率表示。正态分布资料两样本均数比较采用 $t$ 检验;非正态分布计量资料比较采用秩和检验;计数资料比较采用 $\chi^2$ 检验或Fisher精确概率法检验。双侧检验 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

## 2 结果

### 2.1 江苏省疫情各省辖市分布特点

截止2021年8月28日24时,江苏省累计报告Delta变异株引起的COVID-19病例共820例,发病率0.97/10万。其中南京市235例(28.7%),扬州市570例(69.5%),淮安市12例(1.5%),宿迁市3例(0.4%)。现有本土确诊病例307例,包括轻型病例42例(13.7%),普通型病例265例(86.3%),重型、危重型病例0例,无死亡病例,累计治愈病例513例(62.6%)。

### 2.2 人群分布特点

820例确诊患者中,男341例(41.6%),女479例(58.4%),男女比为1:1.4。年龄最小为4个月,最大为90岁,中位年龄为48(33, 66)岁。主要集中在40~69岁年龄段(409例, 49.9%), <20岁有111例(13.6%), 80岁及以上的老年人(36例, 4.4%)最少

(图1)。男性中位年龄为48.0(29.5, 65.0)岁,女性为51.0(35.0, 66.0)岁,男女年龄差异无统计学意义( $Z=-1.914, P=0.056 > 0.05$ )。

### 2.3 江苏省累计确诊及现有确诊病例数变化趋势

截止2021年8月28日,江苏省累计确诊病例数曲线呈“S”型,现有确诊病例数呈“抛物线”型(图2),8月14日现有确诊病例数达高峰(740例)。南京市、扬州市的确诊病例数高峰分别为8月4日(227例)、8月14日(542例),总体趋势与江苏省相同(图2)。

### 2.4 江苏省新增确诊及新增治愈病例数变化趋势

江苏省新增确诊病例数在2021年8月5日达到高峰(61例),自8月10日逐渐降低。自2021年8月4日第1例确诊病例治愈出院起,新增治愈病例数大体呈上升趋势,截止8月28日,新增治愈病例数已持续2周高于新增确诊病例数(图3)。各诊断分型的每日新增变化趋势与总体变化趋势相同(图4)。

### 2.5 流行病学接触史及潜伏期

820例确诊病例中有108例(13.2%)有南京禄

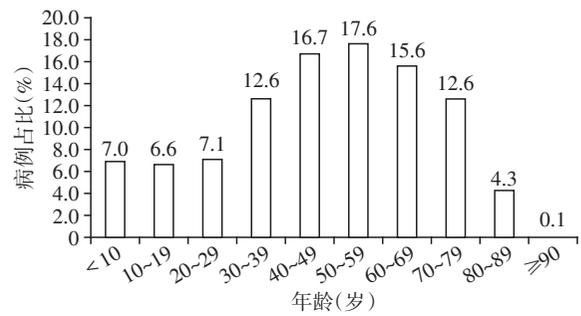


图1 由Delta变异株引起的COVID-19病例年龄分布  
Figure 1 Age distributions of COVID-19 patients caused by Delta variant

口机场暴露史,10例(1.2%)有湖南张家界相关接触史,515例(62.8%)有确诊患者密切接触史,余187例(22.8%)无明确流行病学接触史。

在633例有流行病学接触史的病例中,纳入有明确暴露时间的459例病例进行潜伏期计算,结果显示,潜伏期最短3.5 d,最长为19 d,中位数为9.5 (7.5, 11.0)d,其中南京市(165例,35.9%)、扬州市(290例,63.2%)、淮安市(2例,0.4%)、宿迁市(2例,

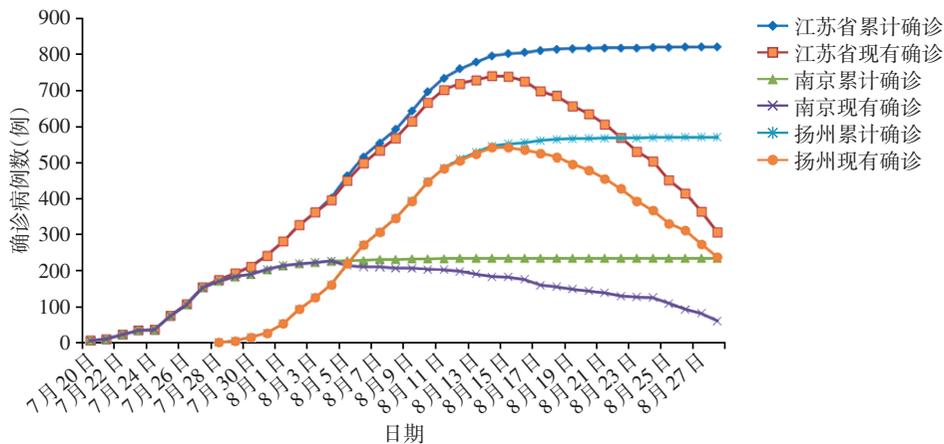


图2 江苏省累计/现有确诊病例数变化趋势  
Figure 2 Trend of cumulative/existing confirmed cases in Jiangsu province

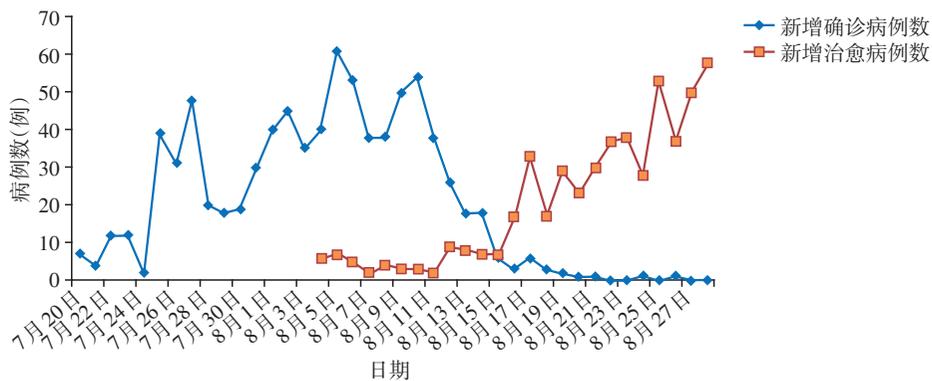


图3 江苏省新增确诊病例和新增治愈病例数趋势  
Figure 3 Trend of newly confirmed cases and newly cured cases in Jiangsu province

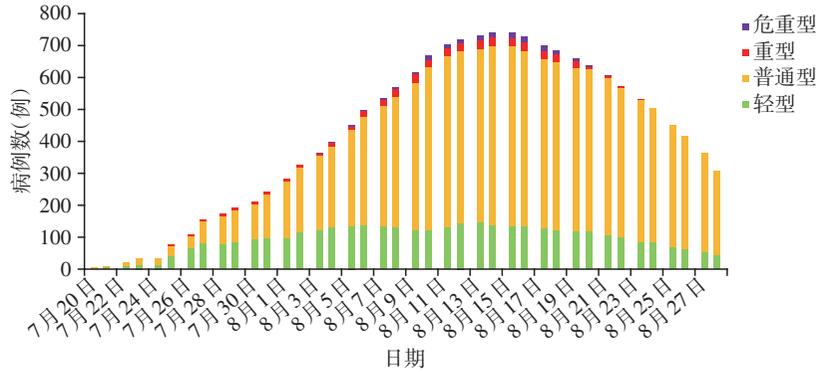


图4 江苏省每日新增病例分型变化趋势

Figure 4 Trend of clinical types of newly confirmed cases in Jiangsu province

0.4%)病例的潜伏期分别为10(8,11)d、9.0(7.5,11.0)d、3.5 d、7(6,8)d,南京市和扬州市潜伏期差异无统计学意义( $Z=-1.256, P=0.209 > 0.05$ )。

纳入461例有明确传播链的病例,计算得到中位代际间隔为3(2,5)d,南京市、扬州市分别为2(1,4)d和4(2,5)d,差异有统计学意义( $Z=-2.154, P=0.031 < 0.05$ )。用各代传播链较为清晰的303例扬州市确诊病例计算各代之间的代际间隔,可得一代至二代、二代至三代、三代至四代、四代至五代、五代至六代的中位代际间隔分别为5.0(3.5,7.0)、3(1,5)、4(3,6)、4(2,6)、2.5(0,5.0)、0 d,一代至二代与二代至三代、二代至三代与三代至四代的代际间隔差异有统计学意义(表1)。

2.6 不同分型的年龄、性别、潜伏期亚组分析

将有明确分型的815例确诊病例划分为3组(轻型组、普通型组、重型组),以确诊时的分型作为因变量,将性别、年龄、有无流行病学接触史作为自变量进行单因素分析。结果显示,不同分型在各年龄段中的构成比差异有统计学意义(表2)。

分别比较不同分型的发病年龄,轻型病例的发病年龄中位数为40(20,53)岁,普通型、重型分别为56(40,69)岁、77(72,82)岁,各组间差异有统计学

表1 不同传播代数的代际间隔

Table 1 Serial intervals between different generations		
传播代数	例数	代际间隔(d)
1~2代	68	5.0(3.5,7.0)
2~3代	74	3.0(1.0,5.0)
3~4代	98	4.0(3.0,6.0)
4~5代	38	4.0(2.0,6.0)
5~6代	22	2.5(0,5.0)
6~7代	3	0
整体比较	303	$H=39.827, P < 0.001$
多重比较	1~2代 vs. 2~3代	$Z=60.309, P < 0.001$
	2~3代 vs. 3~4代	$Z=35.596, P=0.008$
	3~4代 vs. 4~5代	$Z=4.778, P=0.774$
	4~5代 vs. 5~6代	$Z=30.078, P=0.197$
	5~6代 vs. 6~7代	$Z=64.909, P=0.225$

意义(表3)。轻型、普通型、重型病例的潜伏期中位数分别为9.5(7.5,11.0)d、9.5(7.5,11.0)d、12.750(9.125,13.500)d,各组间差异无统计学意义( $Z=5.587, P=0.061 > 0.05$ )。

2.7 扬州市 SARS-CoV-2 传播代数及核酸检测灵敏度

扬州市共确诊570例本土病例,首例确诊病例系南京关联病例,68例作为其密切接触者被确诊

表2 不同临床分型的影响因素

Table 2 Risk factors associated with different clinical types						[n(%)]	
分型		轻型	普通型	重型	合计	$\chi^2$ 值	P值
性别	男	137(40.7)	196(58.2)	4(1.2)	337	0.387	0.824
	女	184(38.5)	288(60.3)	6(1.3)	478		
年龄	<40岁	156(57.4)	116(42.6)	0(0)	272	110.629	0.000
	40~69岁	148(36.6)	256(63.4)	0(0)	404		
	≥70岁	17(12.2)	112(80.6)	10(7.2)	139		
流行病学接触史	有	328(38.9)	365(59.6)	9(1.5)	612	1.126	0.569
	无	71(40.3)	104(59.1)	1(0.6)	176		

表3 不同临床分型的发病年龄

Table 3 Age of onset for different clinical types		
分型	例数	年龄(岁)
轻型	321	40(20,53)
普通型	484	56(40,69)
重型	10	77(72,82)
整体比较	815	$H=116.390, P<0.001$
多重比较	轻型 vs. 普通型	$Z=164.541, P<0.001$
	轻型 vs. 重型	$Z=450.898, P<0.001$
	普通型 vs. 重型	$Z=286.357, P<0.001$

(二代感染, 11.9%), ≥二代感染(无明确流行病学接触史者)205例(36.0%), 三代感染77例(13.5%), ≥三代感染(接触≥二代感染者, 后以此类推)105例(18.4%), 四代感染99例(17.4%), ≥四代感染16例(2.8%), 五代感染38例(6.7%), ≥五代感染2例(0.4%), 六代感染23例(4.0%), ≥六代感染1例(0.2%), 七代感染3例(0.5%)(图5)。其中,“超级传播者”共3例,分别为第1例(传染68例)、第2例(传染17例)和第38例(传染45例)确诊病例。

130例患者在确诊前有医院就诊史,其中29例(22.3%)患者在第一次就诊时核酸检测阴性,第二次以后复测核酸报告阳性,首次核酸检测灵敏度为77.7%。

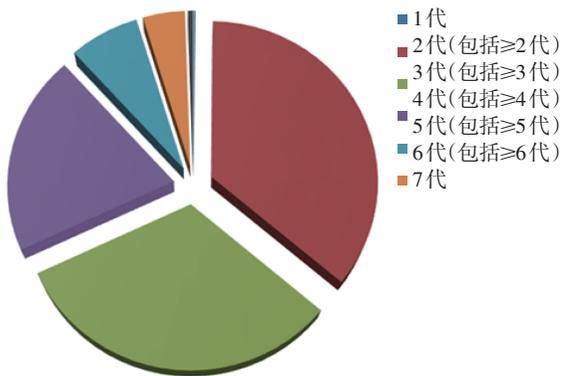


图5 扬州市 COVID-19 病例的感染代数

Figure 5 Generations of COVID-19 cases in Yangzhou

### 3 讨论

SARS-CoV-2 表面的刺突蛋白与宿主细胞表面的血管紧张素转化酶2(angiotensin-converting enzyme2, ACE2)结合是病毒进入细胞的第一步,Delta变异株刺突蛋白的S1亚基出现了更多“适宜生存”的突变,提高了其与ACE2结合以及免疫逃避的能力<sup>[6]</sup>;另外Delta变异株刺突蛋白S1和S2亚基连接处短肽的脯氨酸替换为精氨酸,提高了Furin蛋白酶

的切割效率,使刺突蛋白结构变得松散,更易与TM-PRSS2组织蛋白酶结合,使病毒RNA直接进入细胞内部<sup>[6]</sup>。Delta变异株感染细胞的能力强,传播性强,相关研究已表明Delta变异株具有以下特点:①Delta变异株的基本传播数(basic reproduction number, R0)为5.08<sup>[7]</sup>;②中位病毒脱落期长达18 d<sup>[2]</sup>;③感染者的病毒载量高<sup>[8]</sup>,在首次核酸检测阳性时的呼吸道病毒载量即是传统毒株的1 260倍<sup>[9]</sup>;④潜伏期短<sup>[9]</sup>。自2021年7月20日南京禄口机场出现COVID-19病例后,南京市防控指挥部迅即启动应急响应,截至2021年8月28日,江苏省此次疫情防控已经取得阶段性成果。累计确诊病例数曲线呈S型及现有病例数曲线呈“抛物线”型是防控及时的体现。

对传统毒株的研究提示男性发病率大于女性<sup>[10-13]</sup>,而江苏省此次疫情男性占比41.6%,这与广东疾控对Delta变异株的研究相一致<sup>[14]</sup>。Delta变异株也是目前美国流行最主要的毒株,美国疾控中心疫情监测数据显示目前美国COVID-19的男性发病率小于女性。男性对于Delta变异株感染的保护作用,具体机制还需要进一步研究。在年龄分布上,各年龄段人群对Delta变异株普遍易感,<20岁的患者占总确诊病例的13.6%,广东疫情中<15岁的患者占13.2%<sup>[14]</sup>,而多项对传统毒株的研究显示<20岁的患者发病率均<5.0%<sup>[11-12,15]</sup>。Delta变异株感染的病例中<20岁的患者较传统毒株明显增多,Delta变异株感染有年轻化趋势。

确诊COVID-19普通型、重型病例较轻型病例的中位年龄大,重型常见于老年人,本结果与多项对传统毒株的研究结果相一致<sup>[10-11,16]</sup>,可能与老年人对COVID-19的了解程度较低延误病情有关,也可能是因为老年人COVID-19病情发展快。扬州市此次疫情暴露点主要是棋牌室,老年人居多,这可能是扬州市重型、危重型病例较多的原因。

潜伏期是指自暴露于病原体至发病的时间,本研究用确诊时间代替发病时间得出Delta变异株感染的潜伏期为9.5 d,自暴露时间到核酸阳性的时间为7.5 d。而广东疾控的研究显示,自Delta变异株暴露到核酸阳性时间为4.0 d,从感染到出现症状的时间为5.8 d<sup>[14]</sup>。早期武汉SARS-CoV-2感染的中位潜伏期为5.2 d<sup>[13]</sup>,SARS-CoV-2感染的平均潜伏期为6.3 d<sup>[17]</sup>。本研究得到的潜伏期明显较长,可能存在以下原因:①本研究计算潜伏期采用的是确诊时间而不是发病时间;②7月10日及以后出现在南京禄

口机场的时间即计为最早暴露时间;③若密切接触者与确诊病例在同一单元居住或同一单位工作,则最早暴露时间是两者最早出现在同一单元或同一单位的时间;④对长期居住在一起的病例采用的最早暴露时间与居住成员中首个确诊病例的最早暴露时间相同。

代际间隔是感染者与其被感染的续发病例发病的日期间隔,本研究用确诊日期代替发病日期,得出Delta变异株感染的代际间隔中位数为3 d,而传统毒株感染的代际间隔中位数多在5.0~7.5 d之间<sup>[16,18-19]</sup>,Delta变异株感染的传播速度更快。南京市病例的代际间隔较扬州市短,且具有统计学意义,可能是因为南京市的首发病例发生在机场,人员结构较简单,而扬州市的首发病例发生在棋牌室,人员结构复杂且老年人多,流行病学调查及相关人员排查追踪较为困难,从而导致确诊时间相对延长。相关研究显示SARS-CoV-2感染的代际间隔随着传播代数增加而不断缩短<sup>[20]</sup>,本研究发现总体上代际间隔随着传播代数增加而缩短,但二代至三代的代际间隔较三代至四代的少1 d,可能是因为三代病例多有棋牌室接触史或作为二代病例的密接被及时隔离管理。

扬州市的确诊病例中有130例在确诊前有过医院就诊史,首次核酸检测灵敏度为77.7%。相关文献显示首次核酸检测灵敏度为69.14%<sup>[21]</sup>,建议在中高风险地区对于有发热、咳嗽等症状的患者要多次测核酸以降低假阴性风险。

江苏省共发生3起“超级传播者”事件,均发生在人群聚集区域,其中2起事件发生在密闭环境且没有有效防护措施的棋牌室,第3个“超级传播者”系一个隐瞒流行病学接触史的公职人员。3个“超级传播者”直接引起了此次疫情15.9%的病例,是疫情扩散的重要原因,也直接导致了扬州疫情的暴发。与易感者的密切接触及封闭空间的气流等环境因素是超级传播者形成的原因,早期发现、诊断和隔离超级传播者是阻止传染病扩散的重要措施<sup>[5]</sup>。“超级传播者”事件的发生提示疫情防控措施的有效落实需要广大群众的支持与配合,应加强对民众进行COVID-19方面的教育。

本研究具有一定局限性,疫情数据来自江苏省、南京市、扬州市卫生健康委员会官方网站等官方公布的疫情信息,患者的流行病学接触史不详细,未能进一步分析病毒的传播特点。另外,本研究对病例的分析采用的是核酸阳性时间和确诊时

间,与发病时间相比存在一定的滞后效应。

总之,SARS-CoV-2的Delta变异株传染性强,传播速度快,目前疫情得到初步控制,疫情防控取得了阶段性成果。但COVID-19仍在全球范围内流行,防控管理不能松懈,要将疫情防控常态化。

#### [参考文献]

- [1] Tracking SARS-CoV-2 variants [EB/OL]. [2021-08-25]. <https://www.who.int/emergencies/emergency-health-kits/trauma-emergency-surgery-kit-who-tesk-2019/tracking-sars-cov-2-variants>
- [2] ONG S W X, CHIEW C J, ANG L W, et al. Clinical and virological features of SARS-CoV-2 variants of concern: a retrospective cohort study comparing B.1.1.7 (Alpha), B.1.315 (Beta), and B.1.617.2 (Delta) [J]. *Clin Infect Dis*, 2021, doi: 10.2139/ssrn.3861566
- [3] 江苏省人民政府.江苏省第七次全国人口普查公报(第一号) [EB/OL]. [2021-05-18]. [http://www.jiangsu.gov.cn/art/2021/5/18/art\\_34151\\_9817826.html](http://www.jiangsu.gov.cn/art/2021/5/18/art_34151_9817826.html)
- [4] 江苏省人民政府.江苏省第七次全国人口普查公报(第三号) [EB/OL]. [2021-05-18]. [http://www.jiangsu.gov.cn/art/2021/5/18/art\\_34151\\_9817851.html?gqnahi=affiy2](http://www.jiangsu.gov.cn/art/2021/5/18/art_34151_9817851.html?gqnahi=affiy2)
- [5] 刘甜甜,王勇翔,王阳,等.传染病流行中的超级传播者[J]. *微生物与感染*, 2020, 15(1): 62-64
- [6] SCUDELLARI M. How the coronavirus infects cells - and why Delta is so dangerous [J]. *Nature*, 2021, 595(7869): 640-644
- [7] LIU Y, ROCKLÖV J. The reproductive number of the Delta variant of SARS-CoV-2 is far higher compared to the ancestral SARS-CoV-2 virus [J]. *J Travel Med*, 2021, 28(7): 124
- [8] LUO C H, MORRIS C P, SACHITHANANDHAM J, et al. Infection with the SARS-CoV-2 Delta variant is associated with higher infectious virus loads compared to the alpha variant in both unvaccinated and vaccinated individuals [J]. *MedRxiv*, 2021, doi: 10.1101/2021.08.15.21262077
- [9] LI B, DENG A, LI K, et al. Viral infection and transmission in a large, well-traced outbreak caused by the SARS-CoV-2 Delta variant [J]. *MedRxiv*, 2021, doi: 10.1101/2021.07.07.21260122
- [10] GUAN W J, NI Z Y, HU Y, et al. Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 in China [J]. *N Engl J Med*, 2020, 382(18): 1708-1720
- [11] 中国疾病预防控制中心新型冠状病毒肺炎应急响应机制流行病学组. 新型冠状病毒肺炎流行病学特征分析 [J]. *中华流行病学杂志*, 2020, 41(2): 145-151
- [12] 张怡君,甄爱琴,张欣文. 西北地区新型冠状病毒肺炎流行病学特征及成因分析 [J]. *西安交通大学学报(医学版)*, 2021, 42(2): 181-185

- [13] LI Q, GUAN X, 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
- [14] KANG M, XIN H, YUAN J, et al. Transmission dynamics and epidemiological characteristics of Delta variant infections in China [J]. *MedRxiv*, 2021, doi: 10.1101/2021.08.12.21261991
- [15] 程玖玲,黄春,张国俊,等.河南省新型冠状病毒肺炎的流行病学特征[J]. *中华结核和呼吸杂志*, 2020, 43(4):327-331
- [16] 田路路,姚歆,王梦媛,等.四川省664例新型冠状病毒肺炎病例的流行病学特征分析[J]. *现代预防医学*, 2021, 48(10):1765-1768
- [17] XIN H, WONG J Y, MURPHY C, et al. The incubation period distribution of coronavirus disease 2019 (COVID-19): a systematic review and meta-analysis [J]. *Clin Infect Dis*, 2021, doi:10.1093/cid/ciab501
- [18] 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
- [19] LAU YC, TSANG TK, KENNEDY-SHAFFER L, et al. Joint estimation of generation time and incubation period for coronavirus disease (Covid-19) [J]. *J Infect Dis*, 2021, doi:10.1093/infdis/jiab424
- [20] ZHAO S, ZHAO Y, TANG B, et al. Shrinkage in serial intervals across transmission generations of COVID-19 [J]. *J Theor Biol*, 2021, doi: 10.1016/j.jtbi.2021.110861
- [21] 张文婷,刘丹,谢朝军,等.广州市新型冠状病毒肺炎病例密切接触者核酸检测灵敏度和特异度分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2021, 42(8):1347-1352
- [收稿日期] 2021-11-29  
(本文编辑:唐震)

(上接第244页)

- Genetic polymorphisms of diabetes-related genes, their interaction with diabetes status, and breast cancer incidence and mortality: the long island breast cancer study project [J]. *Mol Carcinog*, 2019, 58(3):436-446
- [17] ZHOU W, JIANG Y, ZHU M, et al. Low-frequency non-synonymous variants in FKBPL and ARPC1B genes are associated with breast cancer risk in Chinese women [J]. *Mol Carcinog*, 2017, 56:774-780
- [18] KOCARNIK J M, RICHARD M, GRAFF M, et al. Discovery, fine-mapping, and conditional analyses of genetic variants associated with C-reactive protein in multiethnic populations using the metabochip in the population architecture using genomics and epidemiology (PAGE) study [J]. *Hum Mol Genet*, 2018, 27(16):2940-2953
- [19] ZHOU Y J, YIN R X, HONG S C, et al. Association of the HNF1A polymorphisms and serum lipid traits, the risk of coronary artery disease and ischemic stroke [J]. *J Gene Med*, 2017, 19(1-2):e2941
- [20] MORITA K, SARUWATARI J, TANAKA T, et al. Common variants of HNF1A gene are associated with diabetic retinopathy and poor glycemic control in normal-weight Japanese subjects with type 2 diabetes mellitus [J]. *J Diabetes Complications*, 2017, 31(2):483-488
- [21] KIM K Y, KIM J O, KIM Y S, et al. Genome-wide association of individual vulnerability with alcoholic liver disease: a Korean genome and epidemiology study [J]. *Hepatology*, 2021, doi:10.1002/hep.32115
- [22] LI X J, SHAO D H, HE M L, et al. Association of common variants in HNF1A gene with serum AFP level in healthy Chinese individuals and HCC Patients [J]. *Dis Markers*, 2019, 2019:6273497
- [23] MORJANE I, KEFI R, CHAROUTE H, et al. Association study of HNF1A polymorphisms with metabolic syndrome in the Moroccan population [J]. *Diabetes Metab Syndr*, 2017, 11(Suppl 2):S853-S857
- [收稿日期] 2021-10-30  
(本文编辑:唐震)