

出國報告（出國類別：研究）

赴南非參加第 20 屆國際傳染病研習
(20th International Congress on Infectious
Diseases 2024)

服務機關：衛生福利部疾病管制署

姓名職稱：副研究員 陳怡誼

醫師 鄭皓元

醫師 黃頌恩

派赴國家：南非

出國期間：2024 年 12 月 1 日至 12 月 8 日

報告日期：2025 年 1 月 10 日

摘要

參加第 20 屆國際傳染病研習 (20th International Congress on Infectious Diseases 2024) 的主要目標為學習傳染病領域的最新研究成果、監測技術以及抗菌藥物管理的最佳機制，並以「防疫一體」的概念，綜合考量人類健康、動物健康及環境之間的相互關係。研習內容涵蓋傳染病的病理機制、傳播途徑、治療方法，以及新興傳染病的應對策略，特別是在全球健康挑戰日益增多的情境下，探索有效的防治策略。此外，研習會還展示最新的傳染病監測技術，包括數據驅動 (data-driven) 的早期預警系統，強調傳染病的早期發現和快速反應對控制疫情的重要性。在抗菌藥物管理方面，專家們分享了應對細菌耐藥性問題的成功經驗，特別是合理用藥、監測耐藥性發展趨勢及制定相關政策的實踐案例。本次研習也為參與者提供了與全球公共衛生專業人士交流的機會，促進跨國合作，建立更完整的國際協作網絡，這些寶貴的學習經驗將有助於提升我國在傳染病防治工作的專業能力與實務水準，為未來可能面臨的公共衛生挑戰預做準備。

目次

壹、目的.....	4
貳、過程.....	4
1. 重要研習內容摘要.....	4
1.1. 研習前一天 (12/3)	5
1.2. 第一天 (12/4)	7
1.3. 第二天 (12/5)	14
1.4. 第三天 (12/6)	16
2. 海報發表與參觀.....	18
2.1. 海報發表.....	18
2.2. 海報參觀.....	20
參、心得與建議.....	28
1. 心得.....	28
2. 建議.....	29
肆、附件.....	30

壹、目的

參加在南非開普頓舉辦的 2024 年第 20 屆國際傳染病研習 (20th International Congress on Infectious Diseases 2024) 為深入了解傳染病最新的研究成果、疾病監測技術以及抗菌藥物管理的最佳實務，特別是從「防疫一體 (One Health)」的概念出發，綜合考慮人類、動物和環境健康之間的聯繫。同時陳怡誼副研究員也以海報展示其研究成果，於研習期間學習並分享各國在傳染病防治的經驗和策略，提升專業知識和實踐能力。此外，藉由此次機會，與來自世界各地的公共衛生專業人士建立聯繫，促進國際合作，共同應對全球健康挑戰。

貳、過程

20th International Congress on Infectious Diseases 2024 (ICID 2024) 研習於南非開普頓舉行，12 月 3 日正式研習前有工作坊，12 月 4 日至 12 月 6 日為正式研習。本次研習主題為“Improving sustainable investments to counter emerging public health threats”，在「防疫一體 (One Health)」的框架下討論臨床及公共衛生重要的傳染病相關議題。

1. 重要研習內容摘要

以下擇要說明所參加的研習主題 (表一) 及內容摘要

表一、重要研習行程摘要

日期	主題
1.1 研習前一天 (12/3)	1.1.1 工作坊一: Epidemiologic Intelligence and Forecasting Approaches 1.1.2 工作坊二: AMR Stewardship – What the ID Professional Needs to Know!
1.2 第一天 (12/4)	1.2.1 Plenary: The Polycrisis and Policy Crisis: a Perfect Storm in AMR 1.2.2 One Health: Surveillance 1.2.3 Wastewater Surveillance 1.2.4 Rabies: Key Areas of Focus

	1.2.5 Global Genomic ID Surveillance and Response 1.2.6 Respiratory Infections
1.3 第二天 (12/5)	1.3.1 Plenary: Updates on AMR 1.3.2 Hospital-Acquired Infections: How Much Can We Prevent? 1.3.3 A Decade of Progress: Enhancing Ebola Prevention Strategies 1.3.4 Hepatitis B and C: Global Opportunities
1.4 第三天 (12/6)	1.4.1 Meet the Expert: ProMED 1.4.2 Plenary: Pandemic Preparedness 1.4.3 Neglected Infectious Diseases 1.4.4 Dengue

1.1 研習前一天 (12/3)

1.1.1 工作坊一：Epidemiologic Intelligence and Forecasting Approaches

第一部分介紹傳染病預測平台 (Forecasting Modeling Hub) 的概念，旨在促進跨學科、跨機構合作，提升預測傳染病疫情的準確性與應變能力。平台的核心理念是透過公開機制，讓專家、公民及研究者參與預測疫情發展，並以標準化的方式評估結果，達到資訊共享與透明化之目的。

美國疾病管制與預防中心 (Centers for Disease Control and Prevention, CDC) 的經驗是開放式預測平台的重要實例。2013-2014 年流感季，CDC 啟動一項計畫，目標是預測流感的「開始時間」、「高峰時間」及「強度」。參與團隊來自不同機構，使用多種方法，包括統計模型、機器學習及傳統流行病學工具。他們的預測結果需透明呈現並接受評估，例如是否能準確預測開始時間和高峰時間（誤差控制在一週內）及強度的數據誤差範圍。這次計畫揭示了一個關鍵發現：單一模型難以完美預測疫情，但結合多種模型結果的集成方法 (ensemble approach) 通常更為穩定且準確。

除了美國 CDC 的經驗，其他國家也成功運行過類似的預測平台。例如，德國與波蘭在 COVID-19 疫情期間合作設立預測中心，招募來自學術界及政府機構的研究團隊參與，並針對 COVID-19 疫情趨勢進行全國性及區域性的預測。隨著疫情逐漸趨緩，這些平台逐步轉型，聚焦於其他呼吸道疾病如流感等，顯示出預測平台具有長期應用潛力。歐盟 (European Union) 和美國在疫情預測方面的另一個重要差異在於，美國的預測更著重於短期準確性，而歐洲的預測則傾向提供長期趨勢的情境模擬。

此外專家也強調了「數學模型與人類專家判斷的互補性」。經驗證明，在數據不完整或存在通報延遲的情況下，人類專家能憑直覺與經驗快速辨識異常，例如節假日病例報告異常下降後的反彈趨勢；而數學模型則更擅長處理具有時間延遲的長期資料，例如 COVID-19 死亡率的趨勢預測。因此，**最佳策略是結合數學模型的計算能力與人類專家的判斷力，以克服各自的局限。**

而想要建立成功的預測平台，需要克服幾項挑戰：

1. 多樣化的參與者與方法：預測平台應納入不同背景的專家，並鼓勵使用多元的方法與數據，而非僅依賴單一模型或技術。
2. 足夠的參與人數：平台的準確性依賴廣泛的預測結果比較與分析，需吸引足夠多的團隊參與。
3. 有效的激勵機制：平台必須提供適當的誘因，鼓勵研究團隊分享其模型預測結果與數據。例如，部分國家透過公開競賽、獎金支持或政策推動，成功提高參與率。

最後，這次分享也探討了未來的發展方向，包括如何擴展預測平台至其他傳染病領域，如新興呼吸道疾病及蚊媒傳播疾病等。此外，平台不僅有助於疫情預測，還能促進跨機構的知識交流與合作，提升公共衛生應變能力。

總結來說，開放式傳染病預測平台透過數學模型、人類專家的互補合作及跨國經驗的借鑒，為公共衛生提供了一個具備前瞻性及應用性的工具。美國 CDC、德國及波蘭的成功經驗

顯示，這類平台能有效應對疫情的不確定性，並促進國際間的科學合作與創新，為未來公共衛生挑戰提供堅實的基礎。

1.1.2 工作坊二：AMR Stewardship – What the ID Professional Needs to Know

抗菌藥物管理 (Antimicrobial stewardship [AMS]) 及其重要性：專家們詳細闡述了 AMS 的概念，即透過合理使用抗菌藥物來減少抗藥性的產生，確保藥物的有效性和安全性。AMS 不僅能夠有效控制感染，還能減少不必要的抗菌藥物使用，從而保護公共健康。

AMS 指引：研習提供了實施 AMS 的具體指引，包括如何制定合理的抗菌藥物使用策略、監測抗菌藥物的使用情況和效果，以及如何評估 AMS 的實施效果。這些指南為我們提供了實用的工具和方法，幫助我們在實踐中更好地開展 AMS 工作。

透過故事收集支持 AMS 的方式：與會者分享了使用故事來促進各方了解 AMS 的重要性。通過講述真實的案例和經歷，我們可以更好地傳達 AMS 的重要性和必要性，從而獲得更多人的理解和支持，一同從事 AMS 的工作。

發展個人的故事以增加說服力：專家們強調了每個人都應該發展自己的故事，並利用這些故事來增強自己在 AMS 倡導的說服力。個人故事不僅能夠打動人心，還能激發更多人參與 AMS。

1.2 第一天 (12/4)

1.2.1 Plenary: The Polycrisis and Policy Crisis: a Perfect Storm in AMR

講者 Prof. Sabiha Essack 是南非 Research Chair in Antibiotic Resistance and One Health，同時也是 University of KwaZulu-Natal 的藥理學教授。他指出抗微生物藥物抗藥性對中低收入國家的影響尤為嚴重，也因此世界衛生組織提出需要針對日益嚴重的 AMR 問題有所作為。她表示，醫療保健體系是抗藥性的推動者(driver)、儲存庫(reservoir)和擴大器(amplifier)。

國家與醫院均需要做 AMR 的監測，且不僅需要做表現型 (phynotype) 監測，同時需要做基因型 (genotype) 監測，才能及早掌握疫情。

1.2.2 One Health: Surveillance

義大利 Edmund Mach Foundation 的 Annapaola Rizzoli 致力於研究蜚媒腦炎。她指出，蜚蟲的主要生態驅動因素包括關鍵嚙齒類物種的存在、森林道路密度、乾燥月份的高降水量、森林覆蓋比例以及秋季降溫速率。她還發現蜚蟲正逐漸向海拔較高地區和西部地區遷移。此外，高棲地多樣性有助於降低歐洲蜚媒腦炎的風險。這些結果顯示，改善歐洲蜚媒腦炎的「防疫一體」監測系統至關重要，並建議引入主動監測系統，將流行病學研究與環境研究整合，以加強對蜚媒腦炎的全面監控。

南非開普敦 Stellenbosch University 的 Wolfgang Preiser 講述在開普敦地區發現人類感染 E 型肝炎的案例。故事始於兩名免疫功能低下患者被發現感染了人畜共通基因型的 E 型肝炎，但他們並未接觸過動物。此外，調查還發現，開普敦約 40% 捐贈的血液中有過往感染 E 型肝炎的證據。進一步的調查顯示，開普敦地區周邊養豬場中約 90% 的豬隻帶有 E 型肝炎的感染證據。他提醒我們，進行監測以發現存在於我們周圍的疾病至關重要。

義大利 Università di Bologna 的 Alessandra Scagliarini 介紹將「防疫一體」監測落實於氣候相關新興人畜共通疾病的「活實驗室 (living laboratory)」計畫。艾米利亞-羅馬涅 (Emilia-Romagna) 位於義大利北部沿海地區，該地區因觀光客眾多，夏季人口約為平時的十倍。該地區擁有大量有機農業以及離岸貝類養殖，且易受極端氣候事件影響，過去曾是瘧疾流行地區，因此有發生媒介傳播疾病的潛力。因該地區聚集了許多致力於研究人類疾病、動物疾病及環境的各個面向的科學家。透過「防疫一體」夥伴關係，他們能夠促進數據共享、協調監測工作並整合應對措施。

1.2.3 Wastewater Surveillance

美國維吉尼亞大學、孟加拉 Institution of Epidemiology, Disease Control and Research (IEDCR)、International Centre for Diarrhoeal Disease Research, Bangladesh (ICEER, B) 和倫敦帝國學院 (Imperial College) 合作，在孟加拉首都達卡 (Dhaka) 自 2019 年起進行「廢水監測」計畫，最初目標是監測小兒麻痺病毒 (Poliovirus) 及其他可透過疫苗預防的腸道病原體，如腸病毒及細菌的抗藥性基因 (AMR chains)。隨後，監測範圍擴展至 SARS-CoV-2 病毒，並包括流感病毒、霍亂弧菌等多種傳染病病原體。

在非高收入國家的城市如達卡，城市缺乏正式的排污系統，研究團隊必須繪製非正式排污網絡地圖，並以互動式地圖整合人口、商業設施等資訊，以協助定位廢水採樣點。透過監測廢水，能夠發現疫情爆發時，廢水中的病毒量通常在臨床病例高峰前 1-2 週上升，可作為早期警示工具。此外團隊開發了一個視覺化儀表板，能將數據即時分享給公衛決策者，並顯示病毒濃度變化與地理分布。

此方法在新冠疫情期間證實有效，並已擴展至達卡南部與東北部地區，監測項目也涵蓋流感、霍亂等多種傳染病。綜上所述，準確繪製排污網絡、了解集水區人口，並有效視覺化及傳遞監測結果，對環境監測至關重要。廢水監測不僅提供即時數據，更能提前預警疫情爆發，成為公共衛生監測的重要工具。

來自倫敦帝國學院的 Dr. Shannon 則分享了與 Dr. Alex Shaw 合作的研究成果。該團隊的工作重點是優化廢水樣本處理流程，以檢測多種病毒與細菌病原體，並比較多種濃縮方法的表現。廢水監測能反映社區中病原體的存在與傳播情況，但由於廢水成分複雜且目標病原體濃度低，樣本的「濃縮」是關鍵步驟。本研究的目標是找到可負擔且易於操作的工作流程，並將之應用於優先病原體的檢測，包括沙門氏菌、E 型肝炎病毒、霍亂弧菌，傷寒桿菌以及 SARS-CoV-2 等。

團隊比較了五種濃縮方法，基於成本、操作時間與回收率等因素，Ceres nanoparticle 最具成本效益，適合多種病原體的檢測。此外，實地試驗目前正在加納與印度進行，並比較 PEG 與 Ceres nanoparticle 的表現，初步結果仍維持一致趨勢。總結來說，選擇合適的濃縮

方法需根據目標病原體與實地條件進行優化，需要持續評估實地試驗的結果，並進一步完善廢水監測流程。

南非國家公共衛生研究所 (The National Institute for Communicable Diseases, NICD) 的代表則分享了在南非所推動的廢水監測系統，作為現有疾病監測的補充工具的經驗：臨床監測雖是疾病通報的主要手段，但在資源受限的地區往往會因檢測量能不足而低估實際疫情。以 COVID-19 疫情為例，初期的臨床病例通報顯示富裕地區病例數較高，但廢水監測結果卻揭示，貧困地區的病毒傳播情況同樣嚴重，反映出臨床通報的侷限。此外，在傷寒桿菌及腸道病毒的監測中，廢水監測能夠提前捕捉病原體的擴散，為公共衛生部門提供早期預警，縮短反應時間。

南非的廢水監測系統涵蓋南非九個省份，設立六個中心點與詳細監測站點，自 2020 年 6 月至 2024 年 4 月期間，共處理了約 3,350 個樣本。此監測系統的設置克服了樣本標準化採集、遠程監控及與市政單位協作的挑戰，確保數據品質與完整性，並建立了一套涵蓋樣本收集、實驗室分析及數據傳遞的工作流程。

廢水監測能提供更全面的疾病動態資訊，彌補臨床監測的不足，特別是在醫療資源不足地區。他們也建議未來應該加強持續性資金支持及高層倡導，推動廢水監測數據納入公共衛生決策，作為疾病防控的重要工具。

1.2.4 Rabies: Key Areas of Focus

在狂犬病專題研習中，來自坦尚尼亞 Ifakara Health Institute 的 Dr. Maganga Sambo 強調控制狂犬病的重要性，不僅要通過給狗接種疫苗來控制，也需要關注野生動物。他的研究表明，維持狗群中狂犬病疫苗接種率在 70% 以上，並持續至少兩年，可以有效控制狂犬病的傳播。

此外，來自南非西開普省獸醫服務部門的 Dr. Lesley Van Helden 提供了關於南非與納米比亞 (Cape fur seals) 狂犬病爆發的最新資訊。Cape fur seals 的狂犬病於 2024 年 6 月首次被確認。這一發現源於一隻感染狂犬病的狗，該狗唯一的傷口是與海豹打鬥造成的。回溯性檢測的 135 份海豹樣本中，10 份呈狂犬病陽性。通過系統發育分析，研究推測多次狂犬病傳入海豹群體。為控制海豹間的狂犬病傳播，主要策略是保護可能與海豹接觸的人群，並針對那些更可能與人類接觸的海豹進行疫苗接種。

來自南非 NICD 的 Dr. Lucille Blumberg 延續了海豹狂犬病主題，並介紹了針對人類接觸者的應對措施。她指出，從 2023 年 8 月至 2024 年 11 月期間，共記錄了 72 起與海豹接觸的事件，其中 34 起涉及國際遊客。

為應對這些事件，他們採取了分層處置策略：對於在 3 個月內與海豹接觸的個案，提供狂犬病暴露後免疫球蛋白和疫苗；而對於超過 3 個月前的接觸者，僅施打狂犬病疫苗。截至目前，尚未出現因海豹接觸而感染狂犬病的病例。他們持續呼籲民眾遠離海豹，並建議與海豹接觸的人接受狂犬病暴露後的評估與防護。

1.2.5 Global Genomic ID Surveillance and Response

開場為國際病原體監測網絡組織 (International Pathogen Surveillance Network, IPSN) 說明其重要工作內容和未來發展方向。該組織的核心業務項目包涵三個領域：能力建設 (Capacity)、財務管理 (Financing) 和數據處理 (Data)。在能力建設方面，主要為幫助各國奠定病原體基因分析的能力，制定實施方案並監控進度。財務管理領域則著重於如何在全球、區域和國家層面有效分配資源。數據處理方面則在制定標準作業流程和優化數據分析流程。整體而言，IPSN 致力於全球病原體監測，特別強調中低收入國家能力建設的重要性，以及將基因組學技術融入公共衛生系統的願景，以推動全球病原體監測能力的提升和標準化。

另一位講者的分享主題為”Utility of environmental surveillance of pathogens in Malawi”，旨在探討馬拉威環境基因組監測的研究成果和應用。首先介紹在布蘭太爾市 (Blantyre) 進行傷寒 (Typhoid Fever) 監測的研究背景，指出自 2010 年開始出現多重抗藥性傷寒桿菌的快速增長，而透過病例對照研究發現，使用河水進行烹飪與傷寒病例高度相關，而學校和托兒所也是重要的傳播場域。研究團隊創新性地結合了河流集水區分析和細菌基因組測序，成功識別出傷寒的高風險地區，而這項研究成果也促使當地開發更廣泛的環境監測計劃，包括河水採樣和廢水監測，並在過程中檢測到大量的非傷寒沙門氏菌，以及多種具有抗藥性的病原體。此項研究為當地公衛監測的重要突破，透過結合傳統的病例對照研究方法與創新的環境基因組監測技術，不僅準確辨識傷寒的傳播途徑，更建立一個有效的環境監測模式。而監測過程中意外發現的多種抗藥性病原體，亦是環境中潛在健康威脅的重要警示，這些發現對未來制定公共衛生政策和預防措施皆具有重要參考價值。

1.2.6 Respiratory Infections

第一位講者之演講主題為 ”Respiratory Tract Infections at Mass Gatherings”，主要探討大規模集會活動中的傳染病風險和防治策略，特別以麥加朝聖 (Hajj) 為例進行深入分析。首先介紹大規模集會的類型，分為自發性 (spontaneous) 和計劃性 (planned) 兩大類，自發性集會包括在同一地點的宗教活動、葬禮等，以及難民營和抗議活動等非預期聚集；計劃性集會則包括奧運會、世界杯足球賽等定期舉辦的大型活動。

有關麥加朝聖的傳染病防治歷史和經驗，自 1987 年發生腦膜炎雙球菌 (*Neisseria meningitidis*) 感染疫情後，沙烏地阿拉伯衛生部與國際組織合作實施一系列防治措施，包括強制接種疫苗等要求，對於來自不同地區的朝聖者，根據其來源地的疫情風險，要求接種不同的疫苗，如來自黃熱病國家需接種黃熱病疫苗，來自小兒麻痺流行地區需接種小兒麻痺疫苗。而在 COVID-19 疫情期間，朝聖活動經歷了重大的變化及調整，首先是參加人數從疫情前通常為 200 萬人驟減至 2020 年的 1000 人，而 2021 年則增加到 6 萬人，但僅限沙烏地阿拉伯本國人參加；實際的防疫措施包括疫苗接種要求和 PCR 檢測，而隨著疫情緩解，2022 年起逐步恢復正常規模，但仍保持謹慎的監測和防治措施。

其他研究顯示，於 Hajj 中最常見的呼吸道病毒包括流感和副流感等；針對肺炎鏈球菌感染的研究發現，儘管感染率有所增加，但疫苗的效果並不顯著；結核病的傳播風險研究有限，估計感染率在 1% 到 20% 之間；而口罩使用的效果研究結果不一，需要進一步研究。

講者最後強調，大規模集會的公衛防治需跨領域科學合作和國際協調，要提前規劃並持續改進防治策略。即使一次活動結束，下一次活動的規劃就已經開始，此類例行且持續性的活動準備和改進對於確保大規模集會的公共衛生安全至關重要。

另一位講者介紹其研究團隊開發的人工智慧系統，用於監測大規模人群中的口罩配戴情況，題目為“Analyzing Open-source Images to Assess Face Mask Usage for Epidemiological Studies”。研究團隊來自柯比研究所 (Kirby Institute) 的全球生物安全部門，其開發一個用於分析開源圖像中口罩使用情況的自動化系統。該系統使用特定關鍵詞收集群眾圖像，運用機器學習模型進行臉部識別，並對口罩配戴情況進行分類。研究團隊使用了 25,800 張個人臉圖像和 2,000 多張群眾圖像做模型訓練，重點關注口罩是否正確配戴（必須覆蓋鼻孔），並做室內及室外環境的區分。在初步的試驗中，研究團隊選取了 10 張包含 30 人以上的圖像進行系統測試，整體準確率達到 88%，而這個系統在實際應用中也展現良好效果，例如在澳大利亞發現口罩使用率為 96%，邁阿密為 69%，而巴布亞新幾內亞的室內使用率僅為 16.4%，室外為 9.8%。

研究團隊藉此研究提出一個新的概念 — 「照片流行病學」 (photo epidemiology)，他們認為此監測方法不僅能夠評估口罩政策的執行效果，未來還能進一步識別高風險區域，追蹤疾病傳播趨勢等，為精準公衛提供科學數據。儘管該系統工具仍需進一步的驗證，但它為改進公共衛生策略提供了創新的解決方案。

1.3 第二天 (12/5)

1.3.1 Plenary: Updates on AMR

來自巴西 University of Sao Paulo 的 Prof. Anna Levin 分享指出，減少抗微生物藥物的使用可以降低抗藥性，但效果會有所延遲。以巴西為例，她指出在巴西限制抗生素銷售後，抗藥性在一年後才出現下降。此外，除了限制抗微生物藥物的銷售，控制醫療相關感染也至關重要。Sao Paulo Association for the Epidemiology and Control of Healthcare-Associated Infections 所發行的指導方針 (guideline)，簡單、實用且具體，分為幾個主要主題，在降低醫院環境中的抗藥性方面發揮了重要作用。

1.3.2 Hospital-Acquired Infections: How Much Can We Prevent?

美國 Virginia Commonwealth University 的 Dr. Gonzalo Bearman 將他作為足球運動員所學到的經驗應用於醫療保健流行病學、抗微生物藥物管理及醫學領域的領導工作。他提醒大家，醫療相關的這些事情，需要透過團隊的合作以及堅持才能有效完成。

美國約翰霍普金斯阿美公司醫療中心 (Johns Hopkins Aramco Healthcare) 的 Dr. Jaffar Altawfiq 探討了「邁向零目標：減少醫療相關感染 (Healthcare-acquired infections, HAI)：是目標、願景或理念」。他指出，「實現零院內感染」在理論上是可能的，但要實踐則具有挑戰性。然而，這並不意味著我們不應該努力實現零感染。在現實世界中，一些致力於零感染的醫院已經顯著減少了 HAI 的發生率。為了解決 HAI 減少的問題，我們需要長期的解決方案。他最後呼籲，透過培養安全與問責文化，並鼓勵醫療專業人員承諾投入感染預防工作，來實現零 HAI 的目標。

南非 University of Cape Town 的 Dr. Tari Papavarnavas 分享了他在南非減少 HAI 的經驗。其中最重要的做法之一是良好的手部衛生習慣。對於接受手術的患者，在手術前、手術中和手術後都有可以採取的措施來預防 HAI 的發生。同樣地，在插入中心靜脈導管時也需要特別注意。他反對使用三通閥，並倡導成立專門從事中心靜脈導管插入的團隊。此外，他還主張每 7 天更換一次中心靜脈導管，而不是使用抗生素塗層導管。

1.3.3 A Decade of Progress: Enhancing Ebola Prevention Strategies

非洲在應對公共衛生危機方面的經驗，特別是伊波拉疫情期間的疫苗研發與布署，展現了卓越的應變能力與國際合作精神。2014 年，伊波拉疫情爆發，超過 28,000 人感染，11,000 人死亡，其中包括許多前線醫療人員。面對巨大的挑戰，各國迅速建立隔離中心與治療設施，並實施個案追蹤，成功抑制疫情擴散。

在疫情期間，國際社會通力合作，加速伊波拉疫苗的研發與臨床試驗。2015 年，疫苗首次投入使用，針對高危人群進行接種，隨後逐步擴展至更廣泛的地區與人群。研究顯示，疫苗不僅能有效阻止病毒傳播，還能顯著降低病死率。此外，針對疫情較緩地區的後續研究亦顯示，疫苗對弱勢群體同樣具有良好的保護效果。

非洲在疫苗接種的基礎建設上也取得了重要進展，包括建立完善的冷鏈系統、制定標準化的準備評估以及動員社區資源協助接種推廣。特別是在公共教育方面，利用當地語言進行疫苗宣導，有效降低了接種猶豫。

這些努力不僅為伊波拉疫情的控制提供了解決方案，也為應對 COVID-19 等未來公共衛生挑戰奠定了基礎。非洲的經驗展示了，在資源有限的條件下，透過創新、合作與社區參與，可以在公共衛生領域取得顯著成效。

1.3.4 Hepatitis B and C: Global Opportunities

全球各國正努力朝著 2030 年消除 B 型肝炎和 C 型肝炎的目標邁進，該目標在 2016 年世界衛生大會上獲得支持。然而，要實現此目標，需要政治意願和資金支持，而推進的關鍵措施是篩檢與治療。埃及透過將醫療照護系統下放至最基層的方式，正穩步朝著 2030 年消除 B 型肝炎的目標邁進。此外，喀麥隆和納米比亞的表現也相當出色。其他策略包括提高醫療人員對該疾病的認識、減少污名化以及簡化治療流程。

C 型肝炎的消除也遵循類似的策略。僅依賴良好的針具交換計畫來降低傷害，並未能有效減少 C 型肝炎的盛行率。相反地，加入包含篩檢與治療的整合式醫療模式，才能有效降低 C 型肝炎的發生率。

1.4 第三天 (12/6)

1.4.1 Meet-the-Expert: ProMED

ProMED (The Program for Monitoring Emerging Diseases) 是 International Society for Infectious Diseases (ISID) 的一項計畫。ProMED 於 1994 年作為互聯網服務啟動，目的是識別新興及再現性傳染病以及影響人類、動物和植物相關的異常健康事件。它是目前最大且公開的全球傳染病爆發報告系統。

在研習會中，ProMED 的主持人(moderator) Dr. Richard Yapi 主持一場專題討論，邀請來自俄羅斯、奈及利亞和緬甸的 ProMED 區域主持人分享他們使用和管理 ProMED 的經驗，並討論其對新興疾病監測的重要貢獻。

1.4.2 Plenary: Pandemic Preparedness

Dr. Arun Balajee 是 Global Fund 中 Technical Advice and Partnerships 部門的 Pandemic Surveillance Specialist。她分享大流行整備策略融合 Global Fund 在應對結核病、愛滋病以及瘧疾的經驗。Dr. Balajee 指出，大流行整備的四大支柱 (key pillars) — 監測、實驗室檢測、人力資源、氧氣與呼吸照護，皆需要充分發展，才能有效應對下一次疫情。

1.4.3 Neglected Infectious Diseases

在關於被忽視疾病的研習會場次中，南非 Stellenbosch University 的 Arifa Parker 以豬肉絛蟲病和包蟲病 (Hydatid Disease) 的案例，說明醫護人員、獸醫和公共衛生專業人士合作的重要性，共同制定策略以減少這些被忽略的人畜共通傳染病。

來自獅子山共和國 Njala University 的 Dr. Moses Bockarie 則討論了氣候變遷對被忽視的病媒傳染病的影響。他指出，人類活動導致氣溫上升，進而引發熱浪、乾旱、暴雨以及更強烈的風暴，這些現象促使病媒及其相關疾病增加，特別影響最弱勢的「底層十億人(the bottom billion)」。因此，世界衛生組織已制定整合策略以建構全球合作網絡。他總結表示，氣候與健康密切相關，日益嚴峻的威脅需要緊急行動，全球必須共同應對這些挑戰。

最後，開普敦大學醫學院的 Dr. Phiona Namale 以足菌腫 (Mycetoma) 和包蟲病的案例報告，闡述「防疫一體」重要性，並倡導以此模型進行疾病控制。例如，在阿根廷，透過給綿羊施打疫苗來預防包蟲囊腫，不僅保護動物健康，也減少了人類疾病的發生。此外，2013 年在開普敦發現了一種新疾病 — Emergomycosis，至今已鑑定出五種病原菌。由於該病屬於相對較新的疾病，其流行病學特性尚未完全了解。針對這些新興、再度出現及罕見疾病的認識與控制，仍需進一步研究與努力。

1.4.4 Dengue

這場登革熱的討論，來自印度泰米爾納德邦韋洛爾 Christian Medical College 的 Prof. Priscilla Rupali 提出了登革熱的罕見表現案例，包括急性壞死性腦炎的例子。來自新加坡國立大學 (National University of Singapore) 的 Prof. Justin Chu 演講關於「正黃病毒基因組重編碼」(Orthoflavivirus Genome Recoding)，並討論如何利用該方法開發減毒活性登革熱疫苗的可能性。Prof. Alfonso J. Rodriguez-Morales 提供了關於拉丁美洲登革熱流行及屈公病再度爆發的最新進展報告，詳細探討了這些疾病的流行病學趨勢與挑戰。

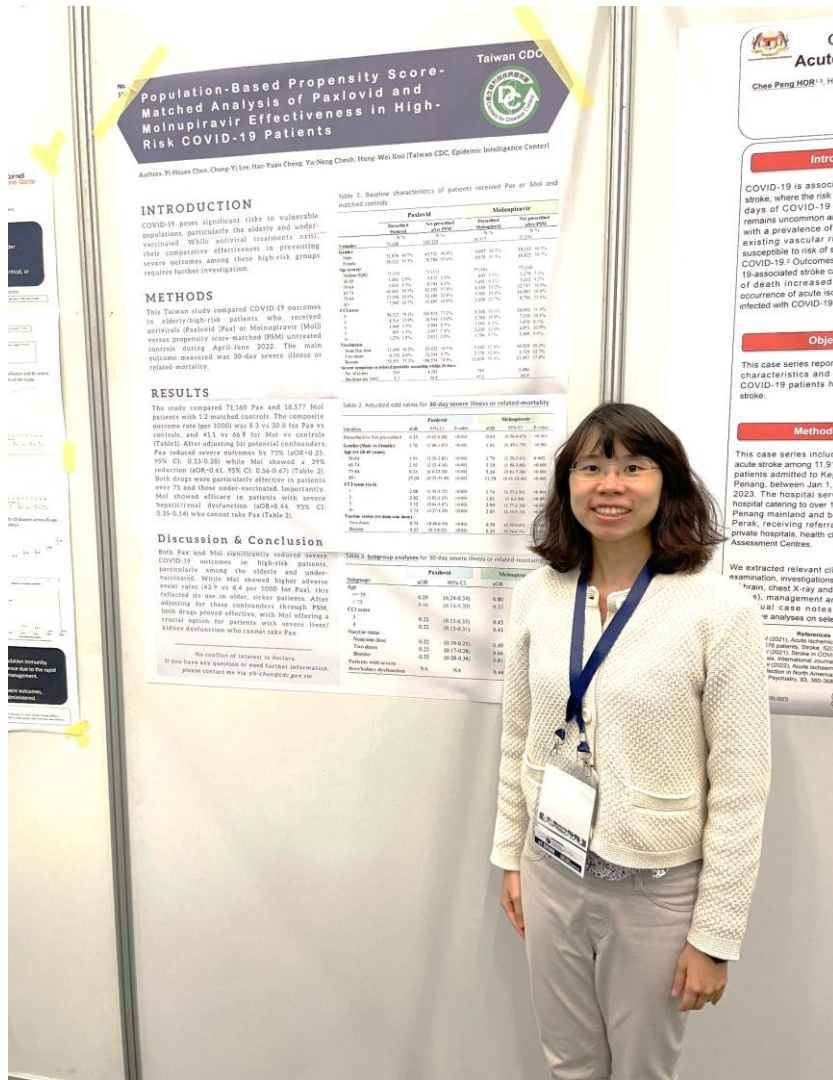
2. 海報發表與參觀

2.1 海報發表

本次研習會陳怡誼副研究員發表一篇研究成果（圖一），題目為“Population-Based Propensity Score-Matched Analysis of Paxlovid[®] (Nirmatrelvir/ritonavir) and Molnupiravir Effectiveness in High-Risk COVID-19 Patients”，分析於 2022 年 4 至 6 月期間的新冠肺炎確診個案，服用新冠肺炎抗病毒藥劑 Paxlovid[®] 及 Molnupiravir 的預後效果。在實驗組（服用 Paxlovid[®] 或 Molnupiravir 的確診者）與對照組（未服用抗病毒藥劑的確診者）分別進行傾向分數配對 (propensity score matching) 後，再以迴歸分析評估兩組對 30 天內中重症或相關死亡的風險。本研究發現 Paxlovid[®] 及 Molnupiravir 相較於對照組分別有 75% (95%CI: 72%–77%) 及 39% (95%CI: 63%–44%) 的中重症或相關死亡保護力，且皆達統計顯著；而在無法使用 Paxlovid[®] 的嚴重肝腎功能不全族群中，Molnupiravir 亦有 56% (95%CI: 46%–65%) 的保護力。

本研究為我國首篇以全人口性資料評估新冠肺炎口服抗病毒藥物 Paxlovid[®] 及 Molnupiravir 對預後的影響，並特別指出兩種藥物均對高風險族群有預防中重症或相關死亡之成效，可為臨床決策提供重要依據，並強調抗病毒藥物治療有助於減輕新冠肺炎疾病負擔的重要性。

本篇研究之海報展示有一些與會者前來觀看，其中一位新加坡醫師詢問進行傾向分數匹配的原因為何？陳怡誼回復，傾向分數匹配為使實驗組與對照組之共變項分佈更趨於一致的方法，達到類似 Randomized Control Trial 的隨機分配效果，因僅用迴歸分析調整干擾因子，無法完全解決分組間共變項分布不均的問題，特別是共變項間存在複雜的交互作用。以傾向分數匹配後可以直接呈現兩組間變項的分布，以提高可比較性。該醫師聽完後表示理解。



圖一、陳怡誼副研究員與發表海報合影

Taiwan CDC
Population-Based Propensity Score-Matched Analysis of Paxlovid and Molnupiravir Effectiveness in High-Risk COVID-19 Patients

Authors: Yi-Hsuan Chen, Cheng-Ti Lin, Hsu-Yuan Cheng, Yu-Ning Chen, Hung-Wei Kuo (Taiwan CDC, Epidemic Intelligence Center)

INTRODUCTION

COVID-19 poses significant risks to vulnerable populations, particularly the elderly and under-vaccinated. While antiviral treatments exist, their comparative effectiveness in preventing severe outcomes among these high-risk groups requires further investigation.

METHODS

This Taiwan study compared COVID-19 outcomes in elderly/high-risk patients who received Paxlovid (Pax) or Molnupiravir (Mol) versus propensity score-matched (PSM) untreated controls during April-June 2022. The main outcome measured was 30-day severe illness or related mortality.

RESULTS

The study compared 71,166 Pax and 18,577 Mol patients with 1:2 matched controls. The composite outcome rate per 1000 was 9.3 vs 30.8 for Pax vs controls, and 6.1 vs 66.9 for Mol vs controls (Table 1). After adjusting for potential confounders, Pax reduced severe outcomes by 75% (OR=0.25, 95% CI: 0.13-0.50) while Mol showed a 25% reduction (OR=0.75, 95% CI: 0.56-0.97) (Table 2). Both drugs were particularly effective in patients over 75 and those under-vaccinated. Importantly, Mol showed efficacy in patients with severe hepatocellular dysfunction (OR=0.44, 95% CI: 0.25-0.78) who cannot take Pax (Table 2).

Discussion & Conclusion

Both Pax and Mol significantly reduced severe COVID-19 outcomes in high-risk patients, particularly among the elderly and under-vaccinated. While Mol showed higher adverse event rates (2.9 vs 0.4 per 1000 for Pax), this reflected its use in older, sicker patients. After adjusting for these confounders through PSM, both drugs proved effective, with Mol offering a crucial option for patients with severe liver kidney dysfunction who cannot take Pax.

We conflict of interest to declare.
 If you have any questions or need further information, please contact us via eh.cheng@cdc.gov.tw

Table 1. Baseline characteristics of patients received Pax or Mol and matched controls

Variables	Paxlovid		Molnupiravir	
	Number (n, %)	% (95% CI)	Number (n, %)	% (95% CI)
Gender				
Male	71,166 (99.7)	99.7	18,577 (99.7)	99.7
Female	2,000 (2.8)	2.8	500 (2.7)	2.7
Age				
0-64	1,888 (2.7)	2.7	467 (2.5)	2.5
65-74	14,811 (21.0)	21.0	3,634 (19.6)	19.6
75-84	44,109 (62.3)	62.3	10,879 (58.3)	58.3
≥85	10,358 (14.6)	14.6	2,597 (13.9)	13.9
Missing	1,100 (1.5)	1.5	279 (1.5)	1.5
Vaccination				
0	5,022 (7.1)	7.1	1,268 (6.8)	6.8
1	5,844 (8.2)	8.2	1,456 (7.8)	7.8
2	24,189 (34.0)	34.0	6,047 (32.5)	32.5
3	28,189 (39.7)	39.7	7,146 (38.3)	38.3
4	12,866 (18.1)	18.1	3,210 (17.2)	17.2
Missing	1,159 (1.6)	1.6	292 (1.6)	1.6
Severe hepatocellular dysfunction				
Yes	1,149 (1.6)	1.6	287 (1.5)	1.5
No	69,017 (97.4)	97.4	18,290 (98.5)	98.5
Missing	1,000 (1.4)	1.4	250 (1.3)	1.3
Total	71,166		18,577	

Table 2. Adjusted odds ratios for 30-day severe illness or related mortality

Subgroup	Paxlovid		Molnupiravir	
	OR (95% CI)	p-value	OR (95% CI)	p-value
Propensity Score	0.25 (0.13-0.49)	<0.001	0.75 (0.56-0.97)	<0.001
Number of events	1,761 (0.47%)		4,818 (26.0%)	
Age				
0-64	1.0		1.0	
65-74	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
75-84	0.25 (0.13-0.49)	<0.001	0.75 (0.56-0.97)	<0.001
≥85	0.39 (0.17-0.90)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Missing	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Vaccination				
0	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
1	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
2	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
3	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
4	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Missing	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Severe hepatocellular dysfunction				
Yes	0.44 (0.25-0.78)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
No	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Missing	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001

Table 3. Subgroup analyses for 30-day severe illness or related mortality

Subgroup	Paxlovid		Molnupiravir	
	OR (95% CI)	p-value	OR (95% CI)	p-value
Age				
0-64	0.29 (0.14-0.50)	<0.001	0.76 (0.57-1.00)	<0.001
65-74	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
75-84	0.25 (0.13-0.49)	<0.001	0.75 (0.56-0.97)	<0.001
≥85	0.39 (0.17-0.90)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Missing	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Vaccination				
0	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
1	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
2	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
3	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
4	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Missing	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Severe hepatocellular dysfunction				
Yes	0.44 (0.25-0.78)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
No	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001
Missing	0.28 (0.15-0.52)	<0.001	0.78 (0.59-1.02)	<0.001

C Acute
 Chee Peng HQR^{1,3}, Ho

Intro

COVID-19 is associated with acute stroke, where the risk is highest in the first 7 days of COVID-19. It remains uncommon among patients with a prevalence of 1% of existing vascular risk factors. Outcomes of acute stroke in COVID-19-associated stroke are poor, with a higher risk of death and increased occurrence of acute ischaemic stroke.

Objec

This case series reports characteristics and outcomes of COVID-19 patients who had acute stroke.

Methodo

This case series includes 119 patients admitted to the Penang Hospital between Jan 1, 2023. The hospital serves the Penang mainland and the Penang Island, receiving referrals from private hospitals, health care assessment centres.

We extracted relevant clinical examination investigations (e.g., chest X-ray and CT scan), management and clinical case notes.

Analyses on selected outcomes are as follows:
 1) Acute stroke in COVID-19 patients.
 2) Stroke in COVID-19 patients.
 3) Acute ischaemic stroke in COVID-19 patients.
 4) Acute ischaemic stroke in COVID-19 patients who had acute stroke.

2.2 海報參觀

於整場海報展示中有發現其他有趣的研究主題，以下提供四篇內容並簡述心得與建議：

2.2.1 Protection of natural infection against reinfection with SARS-CoV-2 JN.1 variant

康乃爾大學威爾康奈爾醫學機構 (Weill Cornell Medicine-Qatar, Cornell University) 的病例對照研究 (圖二)。因 SARS-CoV-2 變異株 JN.1 具免疫逃脫特性，並在當地造成新一波疫情，該研究想探討 Omicron 時期先前自然感染對預防 JN.1 再感染的保護效果。研究期間為 2023 年 12 月至 2024 年 2 月，病例組為 SARS-CoV-2 檢驗陽性者，對照組為 SARS-CoV-2 檢驗陰性者，暴露因子為 90 天前曾感染過，以性別、年齡、國籍、慢病狀態及疫苗施打劑次進行病例組與對照組的 1:2 配對進行分析。結果顯示，整體保護效果而言，於 Omicron 流行期間有自然感染相較於未曾感染者，預防 JN.1 感染的保護力為 1.8% (95%CI: -9.3%–12.6%)，未達統計顯著。該研究進一步分析保護力與感染時間的關係，發現感染後 3-6 個月的保護效果最佳，約為 82.4% (達統計顯著)，第一年內保護效果為 49.1% (95%CI: 20.4%–67.5%)，而一年後保護效果下降至 -2.5% (95%CI: -13.5%–9.0%)，表示幾乎與未曾感染者相當；而疫苗接種的次族群分析顯示接種疫苗與自然感染的保護力相當。

心得與建議：此篇的研究設計較為複雜，後來釐清是在 Omicron 期間以病例對照方式分析感染 JN.1 的危險因子，才比較容易理解。該研究結果不僅確認了先前研究的發現，即自然感染後的保護力會隨時間遞減，並提供了針對新興 JN.1 變異株的具體數據。看完該研究結果，認為持續監測變異株流行情況，以掌握其流行病學特徵及對疫情發展的影響還是非常重要的，因為如果在類似研究中發現某變異株對於先前自然感染的免疫保護效果較差，也就是近期感染並無法預防二次感染的話，那就可能在社區中會造成一波新的疫情爆發。故持續監測變異株流行情況，並了解其免疫逃脫特性，仍為傳染病防治重要一環。

Protection of natural infection against reinfection with SARS-CoV-2 JN.1 variant

Laith J Abu-Raddad^{1,2,3} and Hiam Chemaiteily^{1,2}

¹Infectious Disease Epidemiology Group, Weill Cornell Medicine Qatar, Cornell University, Doha, Qatar; ²Department of Population Health Sciences, Weill Cornell Medicine, Cornell University, New York, USA; ³Faculty of Medicine, Cornell University, Ithaca, NY, USA



BACKGROUND

Evidence at the level of neutralizing antibodies suggests that the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) JN.1 variant demonstrates increased immune evasion compared to its parent lineage BA.2.85 and to recently circulating variants, such as XBB.1.5 and EG.5.1.

JN.1 has exhibited a growth advantage over other variants and triggered large SARS-CoV-2 waves in various countries.

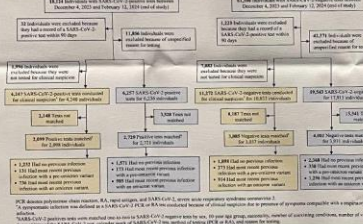
OBJECTIVE

To estimate the effectiveness of previous natural infection in preventing reinfection with the omicron JN.1 variant during a large wave in Qatar (Figure 1).

METHODOLOGY

- A national, matched, test-negative, case-control study was conducted on Qatar's population between December 4, 2023-February 12, 2024 (Figure 2).
- Cases (SARS-CoV-2 positive tests) and controls (SARS-CoV-2-negative tests) were matched exactly one-to-two by sex, 10-year age group, nationality, number of coexisting conditions, number of vaccine doses, calendar week of the SARS-CoV-2 test, method of testing (polymerase chain reaction versus rapid antigen), and reason for testing.
- Previous infection was defined as a SARS-CoV-2 positive test ≥90 days before the study test.
- Subgroup analyses estimating effectiveness against specifically symptomatic reinfection, and by vaccination status, were conducted.

Figure 2. Flowchart illustrating the study population selection process.



RESULTS

- Effectiveness of previous infection in preventing reinfection with JN.1, regardless of symptoms, was 1.8% (95% CI: -9.3-12.6%; Figure 2A).
- Effectiveness demonstrated a rapid decline over time since the previous infection (Figure 2).
- Effectiveness was:
 - 49.1% (95% CI: 20.4-67.5%) during the first year after the previous infection
 - 2.5% (95% CI: -13.5-9.0%) beyond 1 year after the previous infection.
- Effectiveness against asymptomatic reinfection was -2.3% (95% CI: -14.4-10.3%) and exhibited a similar pattern to that observed for any reinfection (Table 1A).
- Subgroup analyses for unvaccinated and vaccinated individuals yielded results similar to those of the main analysis (Table 1B and 1C).

CONCLUSIONS

- The protection of natural infection against reinfection was strong among those who were infected within the last 6 months, with variants such as XBB*.
- However, natural infection protection waned rapidly and was entirely lost one year after the previous infection.
- Findings support a considerable immune evasion by JN.1, leading to the observed rapid waning of the protection against JN.1, a pattern for the effect of immune evasion first characterized for SARS-CoV-2 following the omicron variant emergence at the end of 2021.
- There is need for ongoing surveillance of SARS-CoV-2 variants and periodic assessment of COVID-19 vaccination strategies.

ACKNOWLEDGEMENT

The authors are grateful for institutional support from the Biomedical Research Program and the Biostatistics, Epidemiology, and Biostatistics Research Center, both at Weill Cornell Medicine-Qatar, as well as for institutional support provided by the Ministry of Public Health, National Medical Commission, and Qatar Foundation. The authors are also grateful for the Qatar Research Program and Qatar University Biomedical Research Center for additional support for the research reported in this paper regarding the viral genome sequencing. The authors of the study design, data collection, data analysis, data interpretation, or writing of the article. Statement made for on behalf of the authors.

Figure 1. Qatar's SARS-CoV-2 variant genomic surveillance. Viral genome sequencing of 515 samples between October 1, 2023 and January 20, 2024, illustrating the dominance of the omicron JN.1 variant starting from early December 2023.

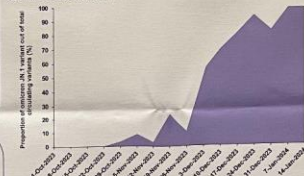


Figure 3. Protection against reinfection with JN.1, irrespective of symptoms, overall (A) and by time since previous infection (A and B).

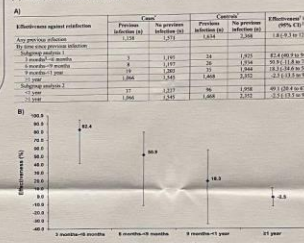


Table 1. Effectiveness of natural infection in preventing A) symptomatic reinfection with JN.1 and reinfection with JN.1 regardless of symptoms for B) only unvaccinated individuals, and C) only vaccinated individuals.

Effectiveness of natural infection in preventing	Cases (n)	Controls (n)	Effectiveness (%) (95% CI)
A) Symptomatic reinfection with JN.1			
By time since previous infection			
All	1,514	3,028	1.8 (-9.3, 12.6)
≤ 6 months	1,101	2,202	49.1 (20.4, 67.5)
7 months-1 year	1,101	2,202	2.5 (-13.5, 9.0)
> 1 year	1,101	2,202	-2.3 (-14.4, 10.3)
Subgroup analysis 1	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
Subgroup analysis 2	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
Subgroup analysis 3	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
B) Reinfection, regardless of symptoms, for only unvaccinated individuals			
By time since previous infection			
All	1,514	3,028	1.8 (-9.3, 12.6)
≤ 6 months	1,101	2,202	49.1 (20.4, 67.5)
7 months-1 year	1,101	2,202	2.5 (-13.5, 9.0)
> 1 year	1,101	2,202	-2.3 (-14.4, 10.3)
Subgroup analysis 1	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
Subgroup analysis 2	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
Subgroup analysis 3	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
C) Effectiveness of natural infection in preventing reinfection with JN.1 for only vaccinated individuals			
By time since previous infection			
All	1,514	3,028	1.8 (-9.3, 12.6)
≤ 6 months	1,101	2,202	49.1 (20.4, 67.5)
7 months-1 year	1,101	2,202	2.5 (-13.5, 9.0)
> 1 year	1,101	2,202	-2.3 (-14.4, 10.3)
Subgroup analysis 1	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
Subgroup analysis 2	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)
Subgroup analysis 3	1,101	2,202	1.8 (-9.3, 12.6)

圖二、康乃爾大學研究團隊進行自然感染對預防 JN.1 效果的研究

2.2.2 Differential transmission dynamics of COVID-19 and non-COVID respiratory pathogens in households: findings from a prospective population cohort study

香港中文大學醫學院所進行的研究（圖三），背景為 2023 年 3 月香港取消口罩令後，非 COVID-19 呼吸道病原體重新於社區中流行 (re-emerged)，並造成零星爆發，故該研究想探討不同呼吸道病原體於家戶內的傳播特性。以前瞻性世代追蹤研究方法於 2023 年 3 月至 2024 年 1 月期間針對 4,554 位受試者進行每月調查，詢問家戶人數、感染呼吸道病原體、嚴重度、症狀持續時間、侵襲率(secondary attack rate, SAR) 等，共蒐集到 36,594 件回復，其中有 1,032 例 COVID-19 病例及 518 例其他呼吸道感染病例。該研究結果顯示，非 COVID-19 的呼吸道疾病其症狀持續時間較長，且住院率較高；就侵襲率而言，COVID-19 顯著較高 (25.7% vs 19.6%, $p < 0.05$)；進一步以年齡分層分析，COVID-19 的 SAR 在中高年齡層（45 歲以上）較高，而非 COVID-19 則在年幼及年輕族群族群（24 歲以下）較高。該研究結論為，研究期間發現同時有多種呼吸道病原體在家戶中傳播，其傳播模式與嚴重度可能依病原體之傳播力及個體免疫力等因素有關，仍需留意脆弱族群的健康狀態與重症風險。

心得與建議：覺得該研究很即時性地在口罩令解除後隨即追蹤呼吸道病原體在家戶內的傳播特性，而且以家戶內傳播作為研究場域亦為重要，因為疫情過後的社交模式可能有所改變，有些人選擇維持居家辦公或在家的時間較以往為長，此時家戶內傳播疾病對個人或公衛的影響就更需被關注。而該研究結論顯示，在家戶中不同病原體對不同年齡層之易感受族群的侵襲率不同，非 COVID-19 對年輕族群侵襲率較高，而反之 COVID-19 對於中高年齡層的侵襲率較高，值得作為公衛或個人防治參考，但需提醒注意的是，隨不同的疫情流行狀況或族群免疫狀況，該研究結果也會有所不同，係為此研究的限制之一。

Differential transmission dynamics of COVID-19 and non-COVID respiratory pathogens in households: findings from a prospective population cohort study



Chin Pok CHAN^{1,2,3}, Ngai Sze WONG^{1,2,3}, Tsz Ho KWAN^{1,2,3}, Samuel Yeung Shan WONG¹, Shui Shan LEE^{2,3}

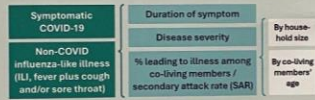
¹ JC School of Public Health and Primary Care, Faculty of Medicine, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong, China
² Stanley Ho Centre for Emerging Infectious Diseases, Faculty of Medicine, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong, China
³ S.H. Ho Research Centre for Infectious Diseases, Faculty of Medicine, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong, China

BACKGROUND

- With mask mandate removed in Hong Kong in March 2023, non-COVID respiratory pathogens had re-emerged and caused sporadic outbreaks throughout the year
- It is anticipated that SARS-CoV-2 would continue to circulate in conjunction with other respiratory viruses
- Study objective:** To characterise the transmission dynamics of COVID-19 and non-COVID respiratory pathogens within households

METHODS & MATERIALS

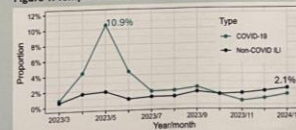
- Study period: March 2023 – January 2024
- Study design: Prospective population cohort
- Data collection: Monthly survey covering an individual's report on (A) incident SARS-CoV-2 infection, (B) testing practice, (C) presentation of respiratory symptoms and (D) ensuing illness pattern among co-living members



RESULTS (I)

- Totally 1,032 COVID-19 and 518 non-COVID ILI episodes were captured based on 36,594 monthly responses collected from 4,554 respondents aged ≥ 18 years (median age = 48 years; IQR= 36-59 years)

Figure 1. Temporal trend of COVID-19 and non-COVID ILI

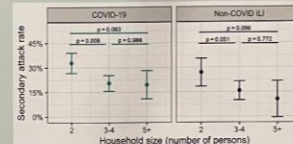


- Overall, a longer symptom duration (6.33 vs 5.52 days, $t=3.45$, $p<0.001$) and a higher rate of hospitalisation (2.9% vs 0.7%, $\chi^2=14.89$, $p=0.002$) was identified for non-COVID ILI episodes

RESULTS (II)

- With a similar proportion of COVID-19 (36.5%) and non-COVID episodes (31.5%) contributing to ensuing infections in non-single-person households, a higher SAR was observed for the former (25.7% vs 19.6%, $t=-1.99$, $p=0.044$)
- Stratified by household size, significant variations in SAR was noted for both COVID-19 ($F=5.17$, $p=0.006$) and non-COVID ILI episodes ($F=3.63$, $p=0.028$) in general

Figure 2. Secondary attack rate of COVID-19 and non-COVID ILI episodes stratified by household size



Between-group significance was derived from Tukey HSD post-hoc test

- Stratified by co-living members' age, those aged 0-14, 45-64 and 65+ years were more susceptible to household transmission of COVID-19, while the susceptibility to non-COVID ILI was especially high in children aged 0-14 years

Table 1. Secondary transmission of COVID-19 and non-COVID ILI to co-living members of different ages

Age of co-living members	% of COVID-19 episode with secondary transmission	% of non-COVID ILI episodes with secondary transmission
0-14 years	27.2 (25/92)	34.1 (14/41)
15-24 years	15.1 (13/86)	22.7 (10/44)
25-44 years	21.2 (51/241)	20.2 (25/124)
45-64 years	27.9 (92/330)	18.7 (32/171)
65+ years	23.5 (46/196)	18.2 (16/88)

Denominator refers to the number of cases with co-living members from the respective age range

CONCLUSIONS

- While non-COVID respiratory infections have been resurging with an increased severity, COVID-19 remained to be more highly transmissible in households
- To protect the vulnerable populations, vaccination and other prevention strategies should continue to be advised amid seasonal respiratory outbreaks

CAPE TOWN, SOUTH AFRICA
 20th INTERNATIONAL CONGRESS ON INFECTIOUS DISEASES (ICID) 2024
 1-4 SEP 2024

Acknowledgements: This study was funded by the Health and Medical Research Fund of the Health Bureau of the HKSAR Government (COVID1903008 - Project A). Ms. Mandy Li and Ms. Priscilla Wong are thanked for their support in logistic arrangements.

Contact information: Tony Chan (tony.chan@cuhk.edu.hk)

圖三、香港中文大學研究團隊進行呼吸道病原體在家庭中的傳播動態研究

2.2.3 A two-year wastewater-based surveillance of SARS-CoV-2 trends within the Tshwane region, South Africa

南非進行的廢水監測研究（圖四），該研究於 2021 至 2022 年期間透過 10 個廢水處理廠收集樣本，使用 Qubit 定量分析病毒 RNA，再以 RT-qPCR 進行 SARS-CoV-2 的鑑定和定量後使用 MGI 測序平台進行全基因組測序。該研究結果顯示，廢水監測 SARS-CoV-2 病毒量與臨床病例趨勢之間具相關性，廢水中約可提早 2–4 週偵測到疫情上升；於 2021 年到 2022 年間，病毒 RNA 的檢出率從 40% 上升到 59%，而即使 WHO 宣布南非最後一波疫情結束後，仍可在廢水中監測到 Omicron 變異株在社區中持續存在。另外，該研究亦針對 52 個廢水樣本中的 SARS-CoV-2 病毒進行全基因體序列分析，在棘突蛋白區域發現 30 個在臨床病例中未觀察到的變異位點。該研究的討論與結論為，廢水監測是一個有效的疾病監測工具，可提前預警疾病傳播趨勢，也特別適合資源有限的地區；2022 年 SARS-CoV-2 於廢水中檢出率上升但臨床確診病例卻下降，可能與疫苗接種帶來的群體免疫增加、症狀減輕以及死亡率下降有關，這項研究呈現廢水監測在公共衛生監測中的重要價值。

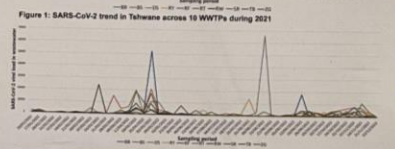
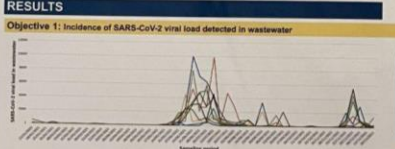
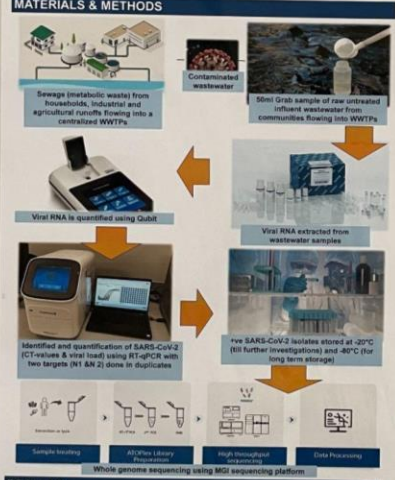
心得與建議：廢水監測自新冠肺炎疫情以來變為熱門的研究議題，而廢水監測亦有其優缺點，分述如下，優點為無須採驗人體檢體，具時間及經濟成本效益，適合資源有限的國家或地區；可定時定點定量偵測環境樣本，排除抽樣變異，可做長時間的追蹤與比較；不受個人就醫行為影響，較為客觀，可涵蓋到無症狀感染者的情況；而時效性上，於該研究結果顯示，可有預警效果。然而，其缺點及限制為無法得知實際感染族群，數據解讀與推論較為困難；受區域限制，沒有集中式污水處理的地區則無法監測；受環境（天氣）影響，例如大量下雨造成病毒量於廢水當中的濃度降低，使偵測率可能下降等。除上述優缺點外，有觀察到該研究中廢水監測之資料變異量大，會有急升急降的趨勢出現，不確定是廢水監測資料的特性，抑或是採樣或實驗流程造成的誤差。綜上優缺點與特性，認為廢水監測可做為疾病監測的輔助工具，相對於傳統對於「人」本身的監測，此間接監測的方式亦能提供有效及互補的疫情資訊。

A two-year wastewater-based surveillance of SARS-CoV-2 trends within the Tshwane region, South Africa

GN Dhlamini¹, FP Ndzinisa¹, JY Bolukaoto¹, ND Nqobu¹, RS Jyoti¹, S Renée⁴ and AM Musyoki¹
 Department of Microbiological Pathology, Sefako Makgatho Health Sciences University, Pretoria, South Africa¹
 Microbiology Unit, National Health Laboratory Services, Dr George Mukhari Academic Hospital, Pretoria, South Africa²
 South African Medical Research Council, Biomedical Research and Innovation Platform, Cape Town, South Africa³
 South African Medical Research Council, Environment & Health, Environment & Health, Cape Town, South Africa⁴

BACKGROUND

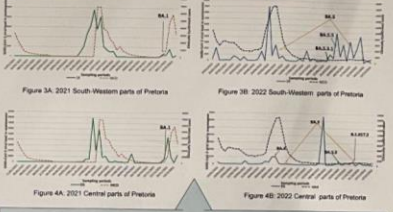
- SARS-CoV-2 the novel virus responsible for COVID-19, proved to be distinctive in its mechanism of infection, with symptoms ranging from mild, cold-like illness to severe disease and death.
- This surveillance strategy focused on information about the presence, distribution, or the resurgence of diseases in countries with centralized sewage infrastructure.
- Would wastewater-based SARS-CoV-2 surveillance offer an improved reflection of community-level disease monitoring in countries with limited resources settings?
- This study aimed to investigate the use of wastewater in Tshwane for the surveillance of infectious diseases using SARS-CoV-2 wastewater samples collected in 2021 and 2022.



For any further information Contact details: andrew.musyoki@smu.ac.za or dhlaminigupulethu1@gmail.com

RESULTS

Objective 2: Comparing SARS-CoV-2 detection levels to confirmed cases reported in diagnostic samples and circulating variants in wastewater samples.



- A strong correlation was observed between SARS-CoV-2 RNA levels in wastewater and clinically confirmed cases across all 10 WWTPs.
- Peaks in wastewater viral RNA consistently preceded a rise in clinical cases by two to four weeks at all sites.
- While the WHO declared South Africa's fifth and final COVID-19 wave in 2022, peaks in SARS-CoV-2 RNA levels persisted beyond the fifth wave. Omicron remained the dominant circulating variant across all sites.

Objective 3: SARS-CoV-2 variants and mutations circulating in Tshwane WWTPs

Table 1: Sequence data on mutations found on the spike protein across the WWTPs at different points in time

Mutations	08/05/2022	13/06/2022	11/07/2022	20/08/2022	03/10/2022	10/10/2022	17/10/2022
T871	ND	ND	ND	ND	ND	ND	BS,RT,SR,TR,ZO
S477N	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
G446S	SR,DS	DS	BS,RY	RT	DS	NO	BS,RT,SR,TR,ZO
N601Y	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
P681H	SR,DS	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
D614G	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
S477N	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
L452R	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
P681R	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
G142D	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
T478K	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO
H655Y	DS,SR	DS	BS,RY	RT	DS	SR	BS,RT,SR,TR,ZO

- Fifty-two whole-genome SARS-CoV-2 sequences were analyzed.
- Mutations showed patterns of appearance, disappearance, and reappearance across WWTPs, with closely located sites sharing similar mutations.
- A total of 339 amino acid mutations were identified in the spike region, including 30 unique mutations not observed in clinical cases.

> SARS-CoV-2 prevalence:
 The overall prevalence of SARS-CoV-2 viral RNA detection across 10 WWTPs was 54% (45/842).

> Wastewater surveillance trends: The detection timeline of SARS-CoV-2 RNA across the 10 WWTPs displayed some similarities, however since the WWTPs differ in operational capacity and population size the SARS-CoV-2 viral loads observed were different.

> Yearly comparison: A notable increase in SARS-CoV-2 RNA positivity was observed between 2021 and 2022, with prevalence rising from 40% to 59% during 2021 and 2022, respectively.

DISCUSSION & CONCLUSION

- The decline in clinically confirmed COVID-19 cases in 2022 may be attributed to increased population immunity from vaccination, reduced symptom severity, and decreased mortality rates influencing health-seeking behaviors.
- A strong correlation between SARS-CoV-2 RNA in wastewater and clinical cases highlights wastewater-based epidemiology (WBE) as an effective tool for infectious disease surveillance.

ACKNOWLEDGEMENTS & REFERENCES

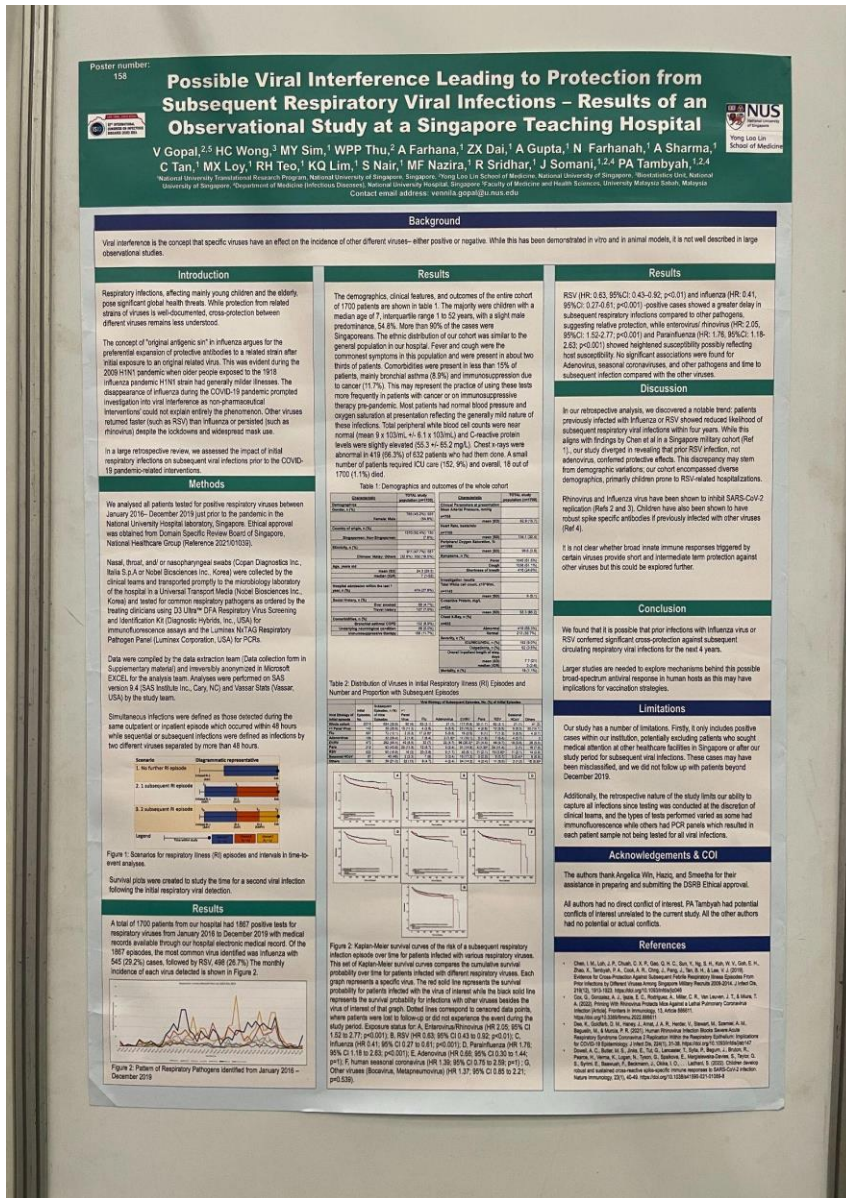
This study was funded by the SAMRC Environment & Health Unit (Grant No. 42119). Special thanks to study supervisors, the SAMRC Biomedical Research and Innovation Platform for laboratory training, SAMRC Research Capacity Development, and the Department of Microbiological Pathology staff and colleagues at SMU.

圖四、南非研究團隊進行廢水監測研究

2.2.4 Possible Viral Interference Leading to Protection from Subsequent Respiratory Viral Infections – Results of an Observational Study at a Singapore Teaching Hospital

新加坡國立大學教學醫院的研究（圖五），旨在分析呼吸道病毒彼此之間的干擾 (viral interference) 作用，即先感染某種呼吸道病毒是否會影響其他呼吸道病毒感染的發生，該研究類似於探討「抗原原罪」(Original antigenic sin) 的概念，例如 2009 年 H1N1 大流行期間，年長者因先前曾暴露於 1918 年流感病毒株而症狀表現較輕微。該研究以回溯性調查方式，納入 2016 年 1 月至 2019 年 12 月（COVID-19 尚未出現）期間檢驗呼吸道病毒陽性的就診個案，以 time-to-event 的方式分析第二次感染的呼吸道病原體及時間。研究共收集 1,700 名患者，以兒童為主（年齡中位數為 7 歲），男性略多 (54.8%)，超過 90% 為新加坡人。在所有病毒感染中，流感病毒最為常見 (29.2%)，其次是 RSV (26.7%)，而有 30.9% 的個案有記錄到第二次感染呼吸道病毒。研究結果發現，RSV 和流感病毒感染後，患者出現後續呼吸道感染的時間明顯延長，表示該兩種病毒可能提供交叉保護力；而相反的是，腸病毒/鼻病毒感染則可能增加個案對後續感染的機率；腺病毒和冠狀病毒感染則與後續感染風險無顯著關聯。

心得與建議：該研究探討呼吸道病毒之間互相干擾的情況覺得非常有趣，不僅對個人，亦可對公衛防治上具參考價值。想到該研究有一些限制與可以後續發展的方向：研究團隊雖然選擇 COVID-19 疫情前作為研究期間，避免了新冠病毒的干擾因素，但也因此降低了研究結果對當前與 COVID-19 共存時期的參考價值；另外僅涵蓋單一醫院的資料可能造成選擇偏差，無法追蹤在其他醫療機構就診的病例或可能漏掉第二次感染在其他醫療機構就診的患者，建議可進行多中心研究，提高數據的代表性。另外建議我國也可進行類似的呼吸道病毒干擾研究，並納入年齡 (Age)、時期 (Period) 和世代 (Cohort) 效應的分析框架，可以更全面地了解台灣人口在呼吸道病毒感染方面的特性，能為未來的防疫政策制定和疫苗策略提供科學依據。



圖五、新加坡國立大學研究團隊進行呼吸道病原體干擾作用研究

參、心得及建議

1. 心得

第 20 屆國際傳染病研習強調傳染病研究的最新進展、疾病監測技術的創新，以及抗菌藥物管理的最佳實務，並深入探討「防疫一體」理念在人類、動物及環境健康間的應用。此研習會提供了豐富的交流平台，促進不同領域的經驗共享與國際合作。此研習中，最印象深刻的有幾個部分：

(1) 新興科技於傳染病監測的應用

隨科技發展，新興技術應用於傳染病監測成為一個受矚目的焦點，包括此研習中多次提到的廢水監測，其涵蓋廢水濃縮技術和病原體檢驗技術，前者的精進可以讓原本稀釋在大量廢水中的病原體得以被偵測出來，做到見微知著的效果；而後者檢驗技術的進步，將可能實現同時檢驗多種病原體並提高敏感度與特異度的多重檢測效能，使得在較低的人力成本和經濟成本下，能更多面向的了解社區環境中流行的病原體，並進行及早預警和疫情發展趨勢的評估，為公共衛生決策提供重要的科學依據。

另外，當然還有人工智慧 (artificial intelligence, AI) 技術的發展與應用，於此研習中提到的應用項目包括口罩影像辨識及疫情發展預測模型，前者之技術預期可發展到精準判斷影像畫面中有幾個人，並有幾個人完整配戴口罩，再搭配其他疫情指標，研判該場域的疫情傳播風險，並將此資訊提供民眾參考與公衛防治；而後者以 AI 建立疫情預測模型，應是世界各地研究團隊如火如荼進行的項目，預期可整合多元疫情相關資訊，包含氣候、交通移動、社群媒體趨勢、醫療資源使用等大數據，透過機器學習演算法建立更精準的預測模型，不僅可預測疫情發展趨勢，亦能評估不同防疫措施的效果，為決策者提供更即時與前瞻性的建議。

(2) 新興傳染病的全球挑戰與研究進展

隨著全球化程度加深，新興傳染病的威脅與日俱增，此研習中重點討論了如 COVID-19 及伊波拉病毒等具高度傳播力與影響力的疾病所帶來的挑戰。透過深入研究這些新興傳染病的病理機制與傳播途徑，科學家們得以更全面地了解疾病特性，為防治工作提供重要基礎。研習中特別強調了數據驅動 (data-driven) 技術的重要性，結合先進的風險評估工具與預警機制，使各國得以及早發現潛在威脅並採取相應防範措施。這種以科學實證為基礎的防疫策略，不僅提高了疾病監測的效率，更為跨國合作建立了共同的行動準則，使全球能更有效地應對新興傳染病的挑戰。

(3) 醫療相關感染之防治與抗生素管理

在醫療相關感染的防治方面，此研習會提出了全面性的建議與具體措施。首要之務是建立完善的安全文化，透過深化醫療人員教育訓練，強化其在感染預防中的專業知識與責任意識；同時，建議設立專業團隊，制定標準化的醫療處置流程，特別是針對高風險醫療行為如中心靜脈導管的置入等。在抗生素使用管理上，研習強調了建立監測系統的重要性，透過即時數據分析追蹤感染率變化與成因，並以此為基礎制定合理用藥政策。這種整合性的管理模式不僅注重實務操作的規範化，更著重於建立可量化的目標管理機制，藉由定期評估與經驗分享，持續改善醫療照護品質，朝向「零感染」的願景邁進。

2. 建議

- (1) 參與國際傳染病研習，不僅可獲得最新的傳染病防治知識，亦可維持並深化國際合作關係，建議本署未來仍可持續派員參加，維繫專業交流網絡。
- (2) 持續強化國際交流，學習其他國家的成功經驗，整合不同領域的資源，為傳染病防治提供創新發展與支持。
- (3) 運用人工智慧等創新科技強化疫情監測與資訊系統已成為國際主流趨勢，建議本署持續推動數位轉型，將新興科技導入疫情監測體系，以提升防疫效能。

肆、附件

附件一：研習議程

研習前一天 (12/3)

Venue	Ballroom East	MR 1.41-1.42	MR 1.43-1.44	MR 1.63-1.64	MR 2.40
12:00pm – 5:00pm	Registration				
9:00am – 12:00pm		Workshop (W1): Epidemiologic Intelligence and Forecasting Approaches	Workshop (W2): AMR Stewardship – What the ID Professional Needs to Know!		Global Surveillance Summit
12:00pm – 1:00pm	Lunch (Exhibition Hall 3, Ground Floor)				
12:45pm – 5:00pm				Pfizer AMR Expert Round Table	
2:00pm – 5:00pm		Workshop (W3): Clinical Microbiology – the Future is Here	Workshop (W4): The Pharmacist's Role in the Infectious Diseases Team		
5:30pm – 6:30pm	Opening Ceremony				
6:30pm – 9:00pm	Welcome Reception				

第一天 (12/4)

Venue	Ballroom East	Ballroom West	Audi 2	MR 1.40	MR 1.61-1.62	MR 1.63-1.64	MR 2.40	MR 2.60
7:00am – 7:00pm	Registration							
8:00am – 9:00am			Meet-the-Expert (M1): Lab Biosafety and Biosecurity	Meet-the-Expert (M2): Infections in Immuno-compromised	Meet-the-Expert (M3): Meet the Editors			
9:00am – 10:00am	Plenary (P1): The Polycrisis and Policy Crisis: a Perfect Storm for AMR							
10:00am – 10:30am	Coffee Break (Exhibition Hall 3, Ground Floor)							
10:30am – 12:00pm	Scientific (S1): One Health: Surveillance	Scientific (S4): Wastewater and Environmental Surveillance	Scientific (S2): ID in Special Situations/Contexts	Scientific (S3): HIV Hot Topics	Policy Discussion (PD1): Health Systems Resilience		Oral Abstract Presentations (O1): AMR and Antimicrobial Stewardship	Pfizer (Symposium) – Prioritizing prevention: the value of implementing life course vaccination to help overcome the burden of respiratory diseases
12:00pm – 1:30pm	Lunch Break & Exhibition, Poster Presentations (Exhibition Hall 3, Ground Floor)							
12:30pm – 1:15pm								Business Meeting (12:30pm – 1:15pm)
1:30pm – 3:00pm	Scientific (S5): Enteric Infections	Scientific (S9): Bill & Melinda Gates Foundation – Maternal Immunization: New Products and a Pathway to Introduction	Scientific (S6): Global Genomic ID Surveillance and Response	Scientific (S7): Rabies: Key Areas	Scientific (S8): Perspectives from ISID Emerging Leaders – AMR Under One Health		Oral Abstract Presentations (O2): HAIs, Antimicrobials & Bacteremia	
3:00pm – 3:30pm	Coffee Break (Exhibition Hall 3, Ground Floor)							
3:30pm – 4:15pm	Plenary (P2): Tuberculosis							
4:30pm – 6:00pm	Scientific (S10): What's New in Mycobacteriology?	Scientific (S12): Interacting with the Online World: Misinformation & Vaccine Confidence	Scientific (S11): Equity in AMR	Scientific (S13): Respiratory Infections		WG1: Guide to Infection Control Working Group	Oral Abstract Presentations (O3): Innovations in Infectious Diseases, Prevention & Control	
6:30pm – 8:00pm	ISID Emerging Leaders / Awardees Reception (By Invitation Only)							

第二天 (12/5)

Venue	Ballroom East	Ballroom West	Audi 2	MR 1.40	MR 1.61-1.62	MR 1.63-1.64	MR 2.40	MR 2.60	Roof Terrace	
7:00am – 7:00pm	Registration									
8:00am – 9:00am				Meet-the-Expert (M4): Surgical Infections and Antibiotic Use	Meet-the-Expert (M5): Urinary Tract Infections					
9:00am – 10:00am	Plenary (P3): Updates on AMR									
10:00am – 10:30am	Coffee Break (Exhibition Hall 3, Ground Floor)									
10:30am – 12:00pm	Scientific (S14): Best of HIV-ID Joint Meeting: From Kenya to South Africa	Scientific (S15): Clinical Management of Hard-to-Treat Infections	Oral Abstract Presentations (O4): Microbes, Pathogenesis & Host Immunity	Scientific (S16): Pediatric Infectious Diseases – Challenges and Opportunities	Scientific (S17): Hospital-Acquired Infections – How Much Can We Prevent		Oral Abstract Presentations (O5): One Health			
12:00pm – 1:30pm	Lunch Break & Exhibition, Poster Presentations (Exhibition Hall 3, Ground Floor)							MSD Symposium (Sponsored Lunch)	Pfizer Open Health Symposium (Sponsored Lunch)	
1:30pm – 3:00pm	Scientific (S18): Biomedical Interventions on STI Prevention		Scientific (S19): Hepatitis B and C – Global Opportunities	Scientific (S20): Point of Care Testing	Policy Discussion (PD2): Pandemic Centers	Pfizer AMR Expert Round Table	Oral Abstract Presentations (O6): Outbreaks, Infectious Disease Surveillance and Epidemiology			
3:00pm – 3:30pm	Coffee Break (Exhibition Hall 3, Ground Floor)									
3:30pm – 4:15pm	Plenary (P4): Research from Africa for Africa: Global Health Solutions from African Researchers									
4:30pm – 6:00pm	Scientific (S21): Current Updates in Tuberculosis	Women Raising Women in Collaboration with WomenLift Health	Scientific (S22): Antimicrobials and Vaccines – Equitable Global Access	Oral Abstract Presentations (O7): Parasitology & Vector-Borne Infections	ISID Research Capacity Building Grants: Updates from the First Cohort					
6:30pm – 9:30pm									Presidential Reception (By invitation only)	

第三天 (12/6)

Venue	Ballroom East	Ballroom West	Audi 2	MR 1.40	MR 1.61-1.62	MR 1.63-1.64	MR 2.40
7:00am – 5:00pm	Registration						
8:00am – 9:00am			Meet-the-Expert (M6): Meet ProMED	Meet-the-Expert (M7): Neonatal Infections	Meet-the-Expert (M8): Career in Public Health/Global Health		
9:00am – 10:00am	Plenary (P5): Pandemic Preparedness						
10:00am – 10:30am	Coffee Break (Exhibition Hall 3, Ground Floor)						
10:30am – 12:00pm	Scientific (S23): Neglected Infectious Diseases	Scientific (S25): AI and Infectious Diseases	Debate: Vaccines & Compulsory Licensing	Scientific (S24): Fungal Resistance, Diagnostics, and Therapy Updates	Policy Discussion (PD3): Sources of Funding in Global Health	Oral Abstract Presentations (O8): Vaccines & Vaccine Development	WHO session on optimizing diagnosis and treatment of STIs
12:00pm – 1:30pm	Lunch Break & Exhibition, Poster Presentations (Exhibition Hall 3, Ground Floor)						
1:30pm – 3:00pm	Scientific (S26): AMR Surveillance and Diagnostics	Scientific (S27): Dengue		Scientific (S28): New Targets and Approaches to Vaccines	Policy Discussion (PD4): Advancing Clinical Trials	Oral Abstract Presentations (O9): Social Context Infectious Diseases and Respiratory Infections	Hot Topics Abstracts (O10): Hot Topics
3:00pm – 3:30pm	Coffee Break (Exhibition Hall 3, Ground Floor)						
3:30pm – 4:30pm	Plenary (P6): Rights, Equity and the Path to Ending AIDS						
4:30pm – 4:45pm	Closing Remarks						