





A Bibliometric Analysis of COVID-19 Researches: Omicron Variant

Husnul Khuluq , Tri Cahyani Widiastuti, Dwiki Fitri

Department of Pharmacy, Universitas Muhammadiyah Gombong, Indonesia

 husnul66@gmail.com

 <https://doi.org/10.53017/ujhs.132>

Received: 16/02/2022

Revised: 25/03/2022

Accepted: 27/03/2022

Abstract

The aims of this research were to analyse the omicron variant COVID-19 literature published during the COVID-19 pandemic and to guide future research relating to this variant. From 2021, November 26th to 2022, January 31th, the Pubmed (pubmed.gov) all databases collection was searched for publications related to omicron variant of COVID-19. The keywords used during this search were (omicron sars cov and (omicron covid-19). Exported Microsoft Excel files, Bibliometrics indicator analysis was performed using Bibliometric/Biblioshiny, a web interface application accessed using R-Studio. In total, 262 publications related to omicron variant of COVID-19 were identified. In these publications, the most active author, journal, country and organisation were Wang L, Nature, China and University Of Oxford, respectively. The most commonly used keywords were humans, sars-cov-2, covid-19, mutation, covid-19 vaccines, spike glycoprotein coronavirus, adult, animals, covid-19/epidemiology/virology and antibodies viral/immunology. This Bibliometric analysis is helpful for mapping studies related to the omicron variant of COVID-19. This article provides an overview of further researches related to omicron variant of COVID-19. For example, by searching for keywords, this variant is associated with gender, spike glycoprotein coronavirus and mutation.

Keywords: Omicron Variant; Variant of Concern; COVID-19 mutation

Analisis Bibliometrik Penelitian COVID-19: Varian Omicron

Abstrak

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk menganalisis literatur tentang COVID-19 varian omicron yang dipublikasikan selama pandemi COVID-19 dan untuk memandu penelitian yang akan datang terkait varian ini. Semua database publikasi Pubmed (*pubmed.gov*) terkait varian omicron dari COVID-19 antara 26 November 2021 sampai 31 Januari 2022. Kata kunci yang digunakan dalam pencarian ini adalah (omicron sars cov dan (omicron covid-19). Microsoft Excel digunakan untuk proses ekspor data, Analisis indikator bibliometrik menggunakan *Bibliometric/Biblioshiny*, aplikasi *web interface* yang diakses menggunakan R-Studio. Didapatkan total 262 publikasi terkait varian omicron COVID-19. Dalam publikasi ini, nama penulis, nama jurnal, negara, dan organisasi paling aktif berturut turut adalah Wang L, Nature, China, dan University of Oxford. Kata kunci yang paling umum digunakan adalah humans, sars-cov-2, covid-19, mutation, covid-19 vaccines, spike glycoprotein coronavirus, adult, animals, covid-19/epidemiology/virology and antibodies viral/immunology. Analisis bibliometrik ini bermanfaat untuk pemetaan penelitian terkait omicron varian COVID-19. Artikel ini memberikan gambaran penelitian lebih lanjut terkait varian omicron dari COVID-19. Misalnya dengan mencari kata kunci, varian ini dikaitkan dengan jenis kelamin, spike glycoprotein coronavirus dan mutasi.

Kata kunci: Varian omicron; Variant of concern; COVID-19 mutation

1. Pendahuluan

SARS-Cov yang merupakan asal dari SARS-CoV-2 ditemukan pertama kali tahun 2003 di China dan berasal dari hewan ; Kemudian setelah bermutasi menjadi SARS-CoV-2 menular ke manusia dan berkembang menjadi pandemi dengan cara menyebar melintasi negara-negara di seluruh dunia [1], [2]. Penularan dan penyebaran COVID-19 jika dibanding virus sejenis lebih cepat sehingga WHO menetapkan sebagai penyakit infeksi yang harus diwaspadai (*Public Health Emergency of International Concern*) pada 30 Januari 2020 [3]–[5]. Selain cepat menyebar virus ini juga mempunyai kemampuan beradaptasi pada lingkungan baru melalui proses mutasi dan menjadi ancaman dalam jangka waktu lama [6]–[8].

Ada beberapa varian COVID-19 yang bisa dideteksi dengan metode *viral genomic sequencing* dan sejauh ini ditemukan 4 varian yang oleh WHO di sebut sebagai *Variant of Concern* yaitu alfa yang ditemukan di Inggris, beta di Afrika Selatan, gama di Brazilia, dan delta di India [9]–[12]. Hasil metaanalisis terhadap 4 varian tersebut menyimpulkan bahwa varian delta dan beta adalah varian yang paling berbahaya varian alfa dan gama bila dilihat dari parameter angka kematian, pasien dirawat dan pasien masuk ICU [13]. Varian Omicron pertamakali di temukan di Afrika Selatan dan pada tanggal 26 November 2021 dan WHO menetapkan sebagai *Variant of Concern* [14]. Hasil mini review menyimpulkan varian ini kemungkinan mampu menghindar dari vaksin yang timbul akibat dari vaksinasi karena mutasi pada *spike* proteinnya dan mempunyai kemampuan menginfeksi yang lebih tinggi dibanding varian-varian sebelumnya [15].

Kurangnya pengetahuan dan pemahaman tentang varian varian ini harus diantisipasi dengan penelitian penelitian yang tentunya memegang peranan penting dalam penanganan Covid-19 sehingga mengharuskan para ahli untuk menekan penyebarannya [16]. Literatur yang berkaitan dengan hal tersebut diatas akhirnya berkembang dengan cepat [17].

Oleh karena sangat penting untuk memahami agar dapat mengorganisir karya ilmiah, mengetahui dari mana asal baik institusi atau yang berpengaruh besar dalam menerbitkan karya ilmiah dan mengeksplorasi koneksi antar beberapa penelitian.

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengorganisir dokumen yang berkaitan dengan varian Omicron covid-19 dengan menggunakan analisis bibliometric

2. Metode

2.1. Sumber Data dan Strategi Pencarian

Sumber data diambil dari Pubmed (Pubmed.gov) dan waktu pengambilan data dimulai pada awal munculnya varian omicron covid-19 yaitu 26 November 2021 sampai 31 Januari 2022. Pengambilan data dengan menggunakan kombinasi kata kunci: omicron sars cov dan (omicron covid-19). Semua bahasa dan semua jenis dokumen disertakan dalam hasil pencarian data. Kemudian dari hasil pencarian selain disimpan dalam bentuk dokumen Pubmed untuk analisis bibliometrix juga disimpan dalam bentuk excel untuk memastikan dokumen dokumen tersebut judulnya mengandung kata kunci yang relevan.

2.2. Analisis Data

Analisis data menggunakan analisis bibliometrik yang merupakan analisis kuantitatif dari artikel artikel sesuai area topik yang di cari. Analisis bibliometrik menggunakan Biblioshiny, aplikasi web-interface untuk analisis Bibliometrix adalah software (version 2.0, <https://www.bibliometrix.org/Biblioshiny.html>). Biblioshiny diakses melalui aplikasi R-Studio.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Jenis Dokumen Publikasi

Total ada 262 publikasi selama periode 26 November 2021 sampai 31 Januari 2022, terbanyak adalah jurnal artikel 129 (49,2%) lalu letter 34 (13,0%). Semua publikasi dalam bahasa Inggris, disajikan dalam [Tabel 1](#).

Tabel 1. 10 besar jenis dokumen

Jenis dokumen	Jumlah publikasi	%
<i>Journal article</i>	129	49,2
<i>Letter</i>	34	13,0
<i>Review journal</i>	20	7,6
<i>Preprint</i>	18	6,9
<i>News</i>	17	6,5
<i>Others</i>	15	5,7
<i>Editorial</i>	14	5,3
<i>Comment</i>	7	2,7
<i>Case reports</i>	4	1,5
<i>Letter, research support, non-us gov't</i>	2	0,8

3.2. Institusi paling produktif

Total 2.869 publikasi yang melibatkan 828 institusi, hal ini menggambarkan ada kolaborasi antar institusi mengingat jumlah real dokumen 262, dan nilai kolaborasinya adalah rata-rata 10,95 institusi berkolaborasi membuat satu dokumen. Salah satu Institusi yang terlibat aktif adalah University of Cape Town dan University of The Witwatersrand yang berasal dari Afrika selatan, asal pertamakali varian omicron ditemukan (lihat [Tabel 2](#)).

Tabel 2. 10 besar institusi paling produktif

Institution	Jumlah publikasi	%
University of Oxford	86	10,4
The University of Hong Kong	65	7,9
The Francis Crick Institute	64	7,7
University of Cape Town	45	5,4
The Royal Marsden Nhs Foundation Trust	36	4,3
University of The Witwatersrand	36	4,3
Universitat De Barcelona	32	3,9
Emory University School of Medicine	31	3,7
University Of Kwazulu-Natal	28	3,4
Institute Of Microbiology	27	3,3

3.3. Jurnal paling produktif

10 besar jurnal paling produktif relevan dengan institusi paling produktif yang masuk besar, dimana jurnal jurnal tersebut beberapa yang dari Inggris, disajikan dalam [Tabel 3](#).

Tabel 3. 10 besar jurnal paling produktif

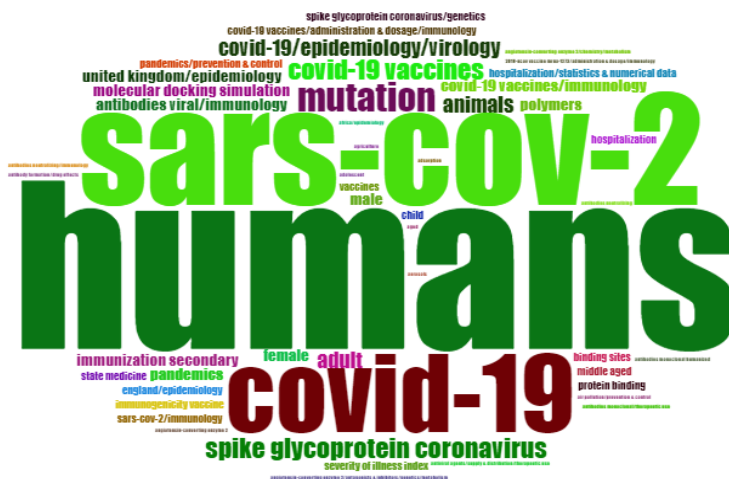
Jurnal	Jumlah dokumen	%
Nature	23	18,9
Bmj (Clinical Research Ed.)	16	13,1
Journal Of Medical Virology	13	10,7
Medrxiv: The Preprint Server for Health Sciences	13	10,7
Lancet (London England)	8	6,6
The New England Journal of Medicine	8	6,6
Nature Medicine	6	4,9
Science (New York N.Y.)	6	4,9
Mmwr. Morbidity And Mortality Weekly Report	5	4,1
Cell	4	3,3

3.4. Kata kunci

Kata kunci yang masih umum muncul di 10 besar, yaitu *humans*, *sars-cov-2*, *covid-19*, kata kunci yang spesifik dan banyak berkaitan dengan varian omicron adalah *mutation*, *spike glycoprotein coronavirus* dan *antibodies viral/immunology*, sebagaimana ditunjukkan pada [Tabel 4](#) dan [Gambar 1](#).

Tabel 4. 10 besar kata kunci

Keyword	Jumlah kata kunci	%
<i>Humans</i>	41	20,8
<i>Sars-cov-2</i>	27	13,7
<i>Covid-19</i>	19	9,6
<i>Mutation</i>	7	3,6
<i>Covid-19 vaccines</i>	5	2,5
<i>Spike glycoprotein coronavirus</i>	5	2,5
<i>Adult</i>	4	2,0
<i>Animals</i>	4	2,0
<i>Covid-19/epidemiology/virology</i>	4	2,0
<i>Antibodies viral/immunology</i>	3	1,5



Gambar 1. Kata kunci; besarnya ukuran huruf menggambarkan tingkat keseringan kata kunci tersebut digunakan

3.5. Penulis paling produktif

Dari dokumen yang berjumlah 262 , 2725 adalah jumlah penulis yang terlibat, nilai *Documents per Author* adalah 0.112, *Authors per Document* adalah 8.94, *Co-Authors per Documents* adalah 10.4 dan nilai *Collaboration Index* adalah 10.8. disajikan dalam [Tabel 5](#).

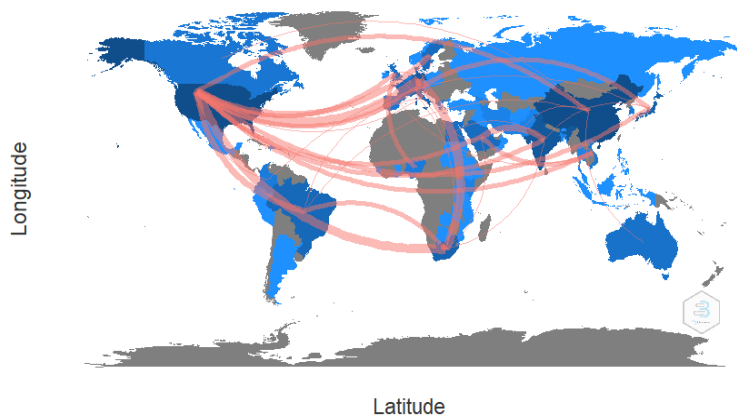
Tabel 5. 10 besar penulis

Penulis	Jumlah dokumen	Articles fractionalized
Wang L	7	0.53
Liu J	5	0.55
Sigal A	5	1.10
Yuen Ky	5	0.32
De Oliveira T	4	0.09
Dhama K	4	0.77
Gao Gf	4	0.80
Giandhari J	4	0.09
Hsiao Ny	4	0.09
Jiang Y	4	0.40

3.6. Kolaborasi antar Negara dan produktivitas Negara

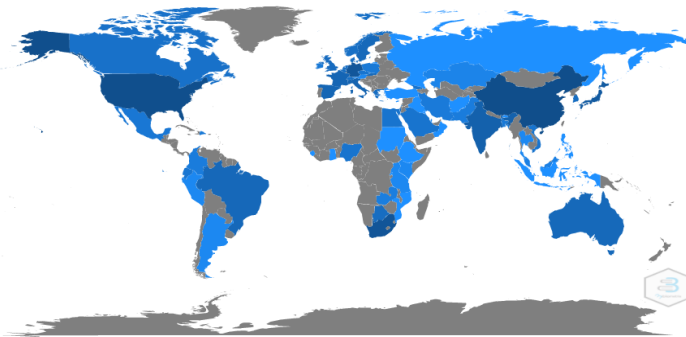
Ada total 67 negara terlibat dalam pembuatan dokumen dan saling berkolaborasi, sebagaimana ditunjukkan pada [Gambar 2](#) dan [Gambar 3](#).

Country Collaboration Map



Gambar 2. Visualisasi kolaborasi antar Negara

Country Scientific Production



Gambar 3. Produktifitas Negara pembuat dokumen

Tebal tipisnya warna menggambarkan tingkat produktivitas, dimana biru tua adalah yang paling produktif, sedangkan abu abu adalah Negara yang tidak berkontribusi. China adalah Negara paling produktif, dimana data ini relevan dengan penulis paling produktif yaitu penulis dari China. Selain China adalah Afrika selatan yang relevan dengan produktivitas institusi, serta Negara Eropa seperti Jerman dan Perancis Serta USA yang relevan dengan jurnal yang produktif menerbitkan dokumen.

3.7. Pembahasan

Publikasi ilmiah merupakan alat penting untuk memperoleh informasi khususnya medis yang update dan juga kedepannya adalah sarana untuk mengembangkan penanganan terbaik untuk penyakit tertentu. Analisa terhadap perkembangan penelitian akan membantu semua pihak yang terlibat khususnya peneliti memperoleh perspektif yang obyektif tentang kualitas dan kuantitas suatu penelitian. Secara khusus analisis bibliometrix dapat membantu para peneliti untuk melakukan analisa terhadap penelitian bidang tertentu terkait dengan penulis, jurnal yang menerbitkan, kata kunci yang banyak digunakan, jenis publikasi bahkan negara yang berkolaborasi. Sesuai dengan tema dan judul penelitian ini yaitu varian omicron COVID-19 sudah dilakukan analisis bibliometrix dan hasilnya sudah dipaparkan dalam Tabel atau gambar diatas.

Afrika Selatan adalah Negara yang muncul dalam produktivitas dan beberapa institusi paling produktif berasal dari Afrika Selatan. Afrika Selatan adalah Negara pertama kali ditemukan varian Omicron [14].

Banyak kata kunci spesifik yang ditemukan dalam analisis bibliometric ini bermanfaat untuk penelusuran artikel dan review artikel terkait varian omicron. Kata kunci mutation; Mutasi spike protein yang terjadi pada varian omicron menyebabkan varian ini sulit

diantisipasi oleh antibodi dari vaksinasi dan bahkan oleh antibody yang terbentuk karena infeksi alami [18], [19]. Pemahaman Genomic transformation pada virus COVID-19 dari varian delta ke omicron menyimpulkan omicron sangat mudah menular tetapi kurang infeksius dan mudah terjadi infeksi ulang [20]. Mutasi pada varian omicron berimplikasi pada lebih kuatnya ikatan varian ini dengan reseptor ACE2 dibanding varian aslinya [21]. Juga meningkatnya ikatan pada permukaan sel dan ini dimanfaatkan dalam pengembangan obat baru [22]. Enzim kinase berperan dalam interkasi varian omicron dan mekanisme ini bisa digunakan untuk pengembangan obat baru [23].

Kata kunci vaccines; Vaksinasi ke tiga adalah salah satu solusi untuk memperkuat antibody melawan omicron [24]. Tiga dosis CoronaVac vaksin menimbulkan proteksi lebih lama dibanding satu dosis atau dua dosis vaksin CoronaVac [25]. Vaksin yang beredar saat ini masih menunjukkan perlindungan yang kuat terhadap penyakit parah karena omicron meskipun respons antibodi penetralisir berkurang secara substansial [26]. Vaksinasi pada anak-anak kemungkinan akan lebih rentan terhadap infeksi ulang varian omicron dibanding varian sebelumnya [27]. Vaksinasi dengan 3 dosis vaksin mRNA, memberikan perlindungan yang lebih baik daripada 2 dosis vaksin pada kasus infeksi varian omicron dan delta dan vaksin memberikan perlindungan yang lebih lemah pada varian omicron dibanding delta [28], [29].

Kata kunci spike; Penelitian *Cross reactivity* pada spike glikoprotein varian delta dan omicron menyimpulkan perlunya dosis ketiga vaksinasi karena menurunnya respons antibodi pada bulan ke 6 bulan [30]. Varian omicron memiliki lebih banyak yaitu 34 varian spike protein S [31].

Kata kunci adult; Infeksi omicron di Amerika sebagian besar menyerang orang dewasa (72,3%) dibanding anak-anak (27,7%) [32].

Kata kunci antibodies; pada orang yang terinfeksi omicron, pengobatan dengan antibodi kelompok E/F harus diprioritaskan, dan langkah-langkah isolasi diperlukan untuk menghindari munculnya transmisi strain yang lolos melawan kekebalan terhadap antibodi epitop E/F [33]. Remdesivir dan molnupiravir mempunyai efikasi yang baik untuk pengobatan omicron, serta terapi antibodi monoclonal kemungkinan tidak efektif untuk varian omicron [34].

4. Kesimpulan

Analisis bibliometrik varian omicron infeksi COVID-19 dapat digunakan untuk *mapping* penelitian tentang varian omicron dari beberapa sisi, misalnya vaksin, mutasi dan perubahan spike protein virus. Juga untuk menentukan arah penelitian tentang varian omicron

Referensi

- [1] K. V. Holmes, "SARS coronavirus: A new challenge for prevention and therapy," *Journal of Clinical Investigation*, vol. 111, no. 11, pp. 1605–1609, 2003, doi: 10.1172/JCI18819.
- [2] M. Letko, A. Marzi, and V. Munster, "Functional assessment of cell entry and receptor usage for SARS-CoV-2 and other lineage B betacoronaviruses," *Nature Microbiology*, vol. 5, no. 4, pp. 562–569, 2020, doi: 10.1038/s41564-020-0688-y.
- [3] J. F. W. Chan et al., "A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster," *The Lancet*, vol. 395, no. 10223, pp. 514–523, 2020, doi: 10.1016/S0140-6736(20)30154-9.
- [4] D. Wrapp et al., "Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation," *Science*, vol. 367, no. 6483, pp. 1260–1263, 2020, doi:

- 10.1126/science.aax0902.
- [5] Q. Li *et al.*, “Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus–Infected Pneumonia,” *New England Journal of Medicine*, vol. 382, no. 13, pp. 1199–1207, 2020, doi: 10.1056/nejmoa2001316.
 - [6] X. Li, “Structure, Function, and Evolution of Coronavirus Spike Proteins,” *Physiology & behavior*, vol. 176, no. 3, pp. 139–148, 2016, doi: 10.1146/annurev-virology-110615-042301.Structure.
 - [7] F. Li, “Receptor recognition and cross-species infections of SARS coronavirus,” no. January, 2020.
 - [8] R. L. Graham and R. S. Baric, “Recombination, Reservoirs, and the Modular Spike: Mechanisms of Coronavirus Cross-Species Transmission,” *Journal of Virology*, vol. 84, no. 7, pp. 3134–3146, 2010, doi: 10.1128/jvi.01394-09.
 - [9] S. M. Hirabara *et al.*, “SARS-CoV-2 Variants: Differences and Potential of Immune Evasion,” *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, vol. 11, no. January, pp. 1–17, 2022, doi: 10.3389/fcimb.2021.781429.
 - [10] M. S. Ramundo, J. G. De Jesus, P. S. Andrade, and T. M. Coletti, “Genomics and epidemiology of the P.1 SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil,” vol. 821, no. May, pp. 815–821, 2021.
 - [11] R. Andrew *et al.*, “Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations,” *Virological.Org*, 2020.
 - [12] H. Tegally *et al.*, “Detection of a SARS-CoV-2 variant of concern in South Africa,” *Nature*, vol. 592, p. 438, 2021, doi: 10.1038/s41586-021-03402-9.
 - [13] L. Lin, Y. Liu, X. Tang, and D. He, “The Disease Severity and Clinical Outcomes of the SARS-CoV-2 Variants of Concern,” *Frontiers in Public Health*, vol. 9, no. December 2020, pp. 1–12, 2021, doi: 10.3389/fpubh.2021.775224.
 - [14] CDC, “CDC Statement on B.1.1.529 (Omicron variant),” *Centers for Disease Control and Prevention*, 2021. .
 - [15] D. Sehnal *et al.*, “Mol*Viewer: Modern web app for 3D visualization and analysis of large biomolecular structures,” *Nucleic Acids Research*, vol. 49, no. W1, pp. W431–W437, 2021, doi: 10.1093/nar/gkab314.
 - [16] A. Aristovnik, D. Ravšelj, and L. Umek, “A bibliometric analysis of covid-19 across science and social science research landscape,” *Sustainability (Switzerland)*, vol. 12, no. 21, pp. 1–30, 2020, doi: 10.3390/su12219132.
 - [17] M. Haghani, M. C. J. Bliemer, F. Goerlandt, and J. Li, “The scientific literature on Coronaviruses, COVID-19 and its associated safety-related research dimensions: A scientometric analysis and scoping review,” no. January, 2020.
 - [18] A. M. Syed *et al.*, “Omicron mutations enhance infectivity and reduce antibody neutralization of SARS-CoV-2 virus-like particles,” doi: 10.1101/2021.12.20.21268048.
 - [19] S.-Y. Ren, W.-B. Wang, R.-D. Gao, and A.-M. Zhou, “Omicron variant (B.1.1.529) of SARS-CoV-2: Mutation, infectivity, transmission, and vaccine resistance,” *World Journal of Clinical Cases*, vol. 10, no. 1, pp. 1–11, 2022, doi: 10.12998/wjcc.v10.i1.1.
 - [20] V. Papanikolaou *et al.*, “From delta to Omicron: S1-RBD/S2 mutation/deletion equilibrium in SARS-CoV-2 defined variants,” *Gene*, vol. 814, no. December 2021, p. 146134, 2022, doi: 10.1016/j.gene.2021.146134.
 - [21] C. S. Lupala, Y. Ye, H. Chen, X. D. Su, and H. Liu, “Mutations on RBD of SARS-CoV-2 Omicron variant result in stronger binding to human ACE2 receptor,” *Biochemical and Biophysical Research Communications*, vol. 590, pp. 34–41, 2022, doi: 10.1016/j.bbrc.2021.12.079.
 - [22] C. Nie, A. K. Sahoo, R. R. Netz, A. Herrmann, M. Ballauff, and R. Haag, “Charge Matters: Mutations in Omicron Variant Favor Binding to Cells,” *ChemBioChem*, vol. 202100681, 2022, doi: 10.1002/cbic.202100681.
 - [23] B. Kazybay, A. Ahmad, C. Mu, D. Mengdesh, and Y. Xie, “Omicron N501Y mutation among SARS-CoV-2 lineages: Insilico analysis of potent binding to tyrosine kinase and hypothetical repurposed medicine,” *Travel Medicine and Infectious Disease*, vol.

- 45, no. December 2021, p. 102242, 2022, doi: 10.1016/j.tmaid.2021.102242.
- [24] D. R. Wesemann, “Omicron’s message on vaccines: Boosting begets breadth,” *Cell*, vol. 185, no. 3, pp. 411–413, 2022, doi: 10.1016/j.cell.2022.01.006.
- [25] Y. Gao *et al.*, “Machine learning based early warning system enables accurate mortality risk prediction for COVID-19,” *Nature Communications*, vol. 11, no. 1, pp. 1–10, 2020, doi: 10.1038/s41467-020-18684-2.
- [26] J. Liu *et al.*, “Vaccines Elicit Highly Conserved Cellular Immunity to SARS-CoV-2 Omicron,” *Nature*, 2022, doi: 10.1038/s41586-022-04465-y.
- [27] L.-L. Chen *et al.*, “Omicron variant susceptibility to neutralizing antibodies induced in children by natural SARS-CoV-2 infection or COVID-19 vaccine,” 2022, doi: 10.1080/22221751.2022.2035195.
- [28] E. K. Accorsi *et al.*, “Association Between 3 Doses of mRNA COVID-19 Vaccine and Symptomatic Infection Caused by the SARS-CoV-2 Omicron and Delta Variant,” *JAMA*, vol. 327, no. 7, pp. 639–651, 2022, doi: 10.1001/jama.2022.0470.
- [29] M. G. Thompson *et al.*, “Morbidity and Mortality Weekly Report Effectiveness of a Third Dose of mRNA Vaccines Against COVID-19-Associated Emergency Department and Urgent Care Encounters and Hospitalizations Among Adults During Periods of Delta and Omicron Variant Predominance-VIS,” 2021.
- [30] S. Faustini *et al.*, “Cross reactivity of spike glycoprotein induced antibody against Delta and Omicron variants before and after third SARS-CoV-2 vaccine dose in healthy and immunocompromised individuals,” *Journal of Infection*, vol. 44, no. 0, 2022, doi: 10.1016/j.jinf.2022.01.002.
- [31] A. K. Tsang *et al.*, “Unusual high number of spike protein mutations for the SARS-CoV-2 strains detected in Hong Kong,” *Journal of Clinical Virology*, vol. 148, no. December 2021, p. 105081, 2022, doi: 10.1016/j.jcv.2022.105081.
- [32] L. Wang, N. A. Berger, D. C. Kaelber, P. B. Davis, N. D. Volkow, and R. Xu, “Comparison of outcomes from COVID infection in pediatric and adult patients before and after the emergence of Omicron,” *medRxiv: the preprint server for health sciences*, Jan. 2022, doi: 10.1101/2021.12.30.21268495.
- [33] M. Li, F. Lou, and H. Fan, “SARS-CoV-2 variant Omicron: currently the most complete ‘escapee’ from neutralization by antibodies and vaccines,” doi: 10.1038/s41392-022-00880-9.
- [34] N. K. Takashita, Emi, “Efficacy of Antibodies and Antiviral Drugs against Covid-19 Omicron Variant,” 2022, doi: 10.1056/NEJMc2119407.



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)
