

· 新型冠状病毒肺炎疫情防控 ·

新型冠状病毒 Omicron 变异株引发天津市家庭聚集性疫情的传播特征及影响因素

张国平 苏承 杨杰 严方喆 吴伟慎 柏建芸 魏兆飞 张颖

天津市疾病预防控制中心, 天津 300011

通信作者: 张颖, Email: cdczhangying@sina.com

【摘要】目的 了解新型冠状病毒(新冠)病毒 Omicron 变异株引发天津市家庭聚集性疫情的传播特征及影响因素。**方法** 采用现场流行病学的方法对新冠病毒肺炎病例进行流行病学调查, 对流行病学信息进行描述性分析。**结果** 本次疫情天津市共报告 430 名病例, 409 名符合纳入标准, 70.90% (290/409) 发生家庭聚集。家庭续发率为 33.64%, 12~17 岁组首发病例家庭续发率(13.79%)明显低于 18~49 岁组(36.48%), *OR* 值(95%*CI*)为 0.378(0.170~0.840)。影响家庭聚集发生的多因素 logistic 回归分析结果显示, 首发病例在封/管控区和居家隔离发现较集中隔离发现的 *OR* 值(95%*CI*)分别为 2.951(1.322~6.586)和 2.287(1.164~4.495), 首发病例出现咽部不适较未出现咽部不适的 *OR* 值(95%*CI*)为 3.003(1.576~5.720); 家庭内全部完成全程新冠病毒疫苗接种较未全部完成全程新冠病毒疫苗接种的 *OR* 值(95%*CI*)为 0.268(0.132~0.552)。**结论** 本次新冠病毒 Omicron 变异株引发家庭聚集性疫情的风险较高, 首发病例在封/管控区和居家隔离发现以及首发病例出现咽部不适是发生家庭聚集的危险因素; 家庭内完成全程疫苗接种是发生新冠病毒肺炎家庭聚集的保护因素。

【关键词】 新型冠状病毒肺炎; Omicron 变异株; 家庭聚集; 续发率

基金项目: 天津市科技重大专项与工程(22ZXGBSY00010); 天津市医学重点学科(专科)建设

Transmission characteristics and risk factors of household COVID-19 clusters caused by 2019-nCoV Omicron variant in Tianjin

Zhang Guoping, Su Cheng, Yang Jie, Yan Fangzhe, Wu Weishen, Bai Jianyun, Wei Zhaofei, Zhang Ying
Tianjin Centers for Disease Control and Prevention, Tianjin 300011, China

Corresponding author: Zhang Ying, Email: cdczhangying@sina.com

【Abstract】Objective To understand the transmission characteristics and risk factors of household COVID-19 clusters caused by 2019-nCoV Omicron variant in Tianjin and provide evidence for COVID-19 prevention and control. **Methods** Field epidemiological method was used to investigate the epidemiological characteristics of COVID-19 cases, and descriptive analysis was used to describe the epidemiological information. **Results** A total of 430 cases were reported in this epidemic in Tianjin, in which 409 cases were included in this study. Among these cases, 70.90% (290/409) occurred in families. The family secondary attack rate was 33.64%. The family secondary attack rate in age group 12-17 years (13.79%) was significantly lower than that in age group 18-49 years (36.48%), the *OR* was 0.378 (95%*CI*: 0.170-0.840). The logistic regression analysis showed that compared with centralized quarantine, the *OR* of the index cases found in closed-off/controlled areas and in home quarantine were 2.951 (95%*CI*: 1.322-6.586) and 2.287 (95%*CI*: 1.164-4.495),

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220425-00340

收稿日期 2022-04-25 本文编辑 万玉立

引用格式: 张国平, 苏承, 杨杰, 等. 新型冠状病毒 Omicron 变异株引发天津市家庭聚集性疫情的传播特征及影响因素[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(9): 1370-1375. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220425-00340.

Zhang GP, Su C, Yang J, et al. Transmission characteristics and risk factors of household COVID-19 clusters caused by 2019-nCoV Omicron variant in Tianjin[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(9): 1370-1375. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220425-00340.



respectively, compared with the cases without sore throat, the *OR* of the index cases with sore throat was 3.003 (95%*CI*: 1.576-5.720), and compared with cases in families without completed COVID-19 vaccinations in all members, the *OR* of the cases in families with completed COVID-19 vaccinations in all members was 0.268 (95%*CI*: 0.132-0.552). **Conclusions** The risk of household transmission of infection with Omicron variant was high. Detecting the index case in closed-off/controlled areas or in home quarantine and sore throat in index cases were the risk factors of the household transmission, completed COVID-19 vaccination was the protective factor.

【Key words】 COVID-19; Omicron variant; Household cluster; Secondary attack rate

Fund programs: Tianjin Science and Technology Major Projects (22ZXGBSY00010); Tianjin Key Medical Discipline (Specialty) Construction Project

新型冠状病毒(新冠)病毒变异株 Omicron B.1.1.529 于 2021 年 11 月 11 日在博茨瓦纳采集的样本中检测到^[1], 11 月 26 日 WHO 将其定义为第五种“关切变异株”^[2]。12 月 9 日我国天津市首次在入境人员中检出 Omicron B.1.1.529 变异株^[3], 2022 年 1 月 8 日天津市通过主动就诊和应检尽检发现 2 名新冠病毒肺炎本土病例, 基因测序均显示为 Omicron 变异株 BA.1 进化分支。随后, 通过密切接触(密接)者筛查、全员核酸筛查、主动就医等方式, 陆续发现多名病例, 截至 2022 年 2 月 7 日, 累计报告 430 名病例。本研究对本次家庭聚集性疫情的传播特征及影响因素进行分析。

对象与方法

1. 研究对象: 2022 年 1 月 8 日至 2 月 7 日天津市累计报告新冠病毒肺炎病例 430 名, 其中首发病例 242 名, 排除不符合家庭定义的 17 名(14 名单独居住, 3 名居住集体宿舍), 家庭内首发病例 225 名; 242 名首发病例的共同生活起居人员 560 名, 排除不符合家庭定义的 13 名(居住集体宿舍), 家庭密接者 547 名, 其中续发病例 184 名, 故符合本研究的病例共 409 名, 涉及 225 户家庭共计 772 人。见图 1。

2. 相关定义:

(1) 家庭: 指共同生活起居的成员, 家庭成员数 ≥ 2 名, 不包括同住宿舍的情况。

(2) 家庭内首发病例: 同一家庭内, 发病时间(无症状感染者按照首次核酸检测阳性采样时间)最早的病例。

(3) 家庭内续发病例: 同一家庭内, 首发病例核酸检测阳性后 1~14 d 内, 该家庭内后续发生(排除接触其他病例感染的情况)的病例。

(4) 家庭聚集: 同一家庭中, 首发病例核酸检测

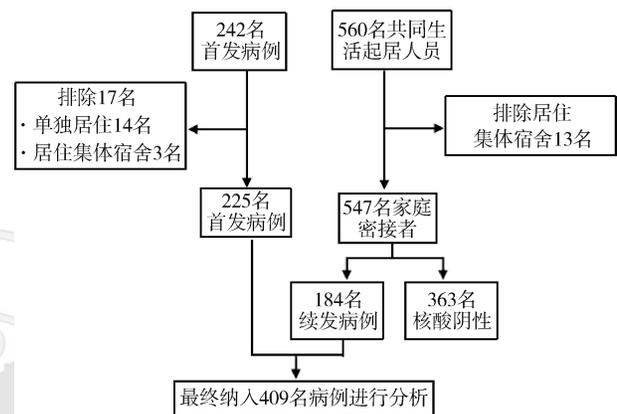


图1 研究对象纳入流程

阳性后 1~14 d 内, 再次出现 1 例及以上新冠病毒肺炎病例。排除无法判定首发病例(如同一家庭内, 2 例及以上病例在同一天发病或检测阳性, 且无法判断感染来源)的情况。

(5) 家庭续发率: 家庭内首发病例核酸检测阳性后 1~14 d 内, 家庭易感接触者中的续发病例占所有易感接触者总数的百分比(%)。

3. 研究方法:

(1) 诊断标准: 按《新型冠状病毒肺炎诊疗方案(试行第八版 修订版)》诊断^[4]。

(2) 流行病学调查: 运用现场流行病学的调查方法, 根据《新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)》对病例进行调查^[5]。

(3) 病原学检测: 参照《新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)》^[5]中《新冠病毒样本采集和检测技术指南》, 对采集的病例咽拭子采用实时荧光定量 RT-PCR 方法检测新冠病毒核酸。

(4) 数据整理与质量控制: 由经过统一培训的流调员对病例进行流行病学调查, 并参照公安部门提供的大数据信息, 对流调信息进行对比和完善。2 名信息员采用 Excel 软件从流调报告中提取病例信息, 并相互核对确保提取信息的准确性。

4. 统计学分析:采用 SPSS 24.0 软件进行数据分析,计数资料以构成比或率(%)表示;采用单因素和多因素 logistic 回归模型进行家庭聚集性疫情影响因素分析。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1. 基本情况:共纳入 409 名新冠病毒肺炎病例,其中 70.90%(290/409)发生家庭聚集。

2. 流行病学特征:

(1)时间分布:按是否为家庭聚集性疫情病例分层绘制流行曲线显示,家庭聚集性疫情病例的发病时间更早,在 1 月 8 日以前已经发生家庭聚集性疫情,1 月 8 日以后,均呈快速升高,并形成平台,流行曲线特征相似,但整体上家庭聚集性病例数量高于非家庭聚集性病例。见图 2。

(2)人群分布:家庭首发病例 225 名,男女性别比为 0.88:1,年龄主要分布在 18~49 岁组(30.22%, 68/225)和 50~64 岁组(26.22%, 59/225),有工作的比例为 70.67%(159/225),完成新冠病毒疫苗全程接种和加强接种的比例分别为 49.78%(112/225)和 42.22%(95/225);家庭密接者 547 名,男女性别比为 0.92:1,18~49 岁和 50~64 岁年龄组的比例分别为 48.08%(263/547)和 22.12%(121/547),有工作的比例为 67.46%(369/547),完成新冠病毒疫苗全程接种和加强接种的比例分别为 39.31%(215/547)和 50.64%(277/547)。见表 1。

(3)地区分布:病例主要分布在津南区(81.91%,335/409),其次为河北区(9.54%,39/409);津南区病例中,70.15%(235/335)的病例发生家庭聚集,335 名病例涉及 186 户家庭,46.24%(86/186)

表 1 家庭首发病例与家庭密切接触(密接)者人口学特征

变量	首发病例 (n=225)	家庭密接者 (n=547)	合计 (n=772)
性别			
男	105(46.67)	262(47.90)	367(47.54)
女	120(53.33)	285(52.10)	405(52.46)
年龄组(岁)			
0~	4(1.78)	26(4.75)	30(3.89)
5~	54(24.00)	55(10.06)	109(14.12)
12~	17(7.56)	33(6.03)	50(6.48)
18~	68(30.22)	263(48.08)	331(42.87)
50~	59(26.22)	121(22.12)	180(23.31)
≥65	23(10.22)	49(8.96)	72(9.33)
工作			
有	159(70.67)	369(67.46)	528(68.39)
无	66(29.33)	178(32.54)	244(31.61)
疫苗接种情况			
未接种	14(6.22)	44(8.04)	58(7.51)
未全程接种	4(1.78)	11(2.01)	15(1.94)
全程接种	112(49.78)	215(39.31)	327(42.36)
加强接种	95(42.22)	277(50.64)	372(48.19)

注:括号外数据为人数,括号内数据为构成比(%)

为家庭聚集;河北区 39 名病例中,89.74%(35/39)的病例发生家庭聚集,39 名病例涉及 17 户家庭。

3. 家庭聚集情况:106 起家庭聚集性疫情中,报告病例数在 2~9 名, M 为 2 名。家庭病例数为 2 名 60 起(56.60%)、3 名 25 起(23.59%)、4 名 14 起(13.21%)、5 名 6 起(5.66%)、9 名 1 起(0.94%)。家庭聚集性疫情主要集中在 2~4 人的家庭中,随着家庭人口数增加,家庭病例数增加。见图 3。

4. 家庭续发率:家庭续发率为 33.64%(184/547),95%CI 为 29.81%~37.70%。按照家庭内首发病例年龄,分为 0~、5~、12~、18~、50~和 ≥65 岁组,计

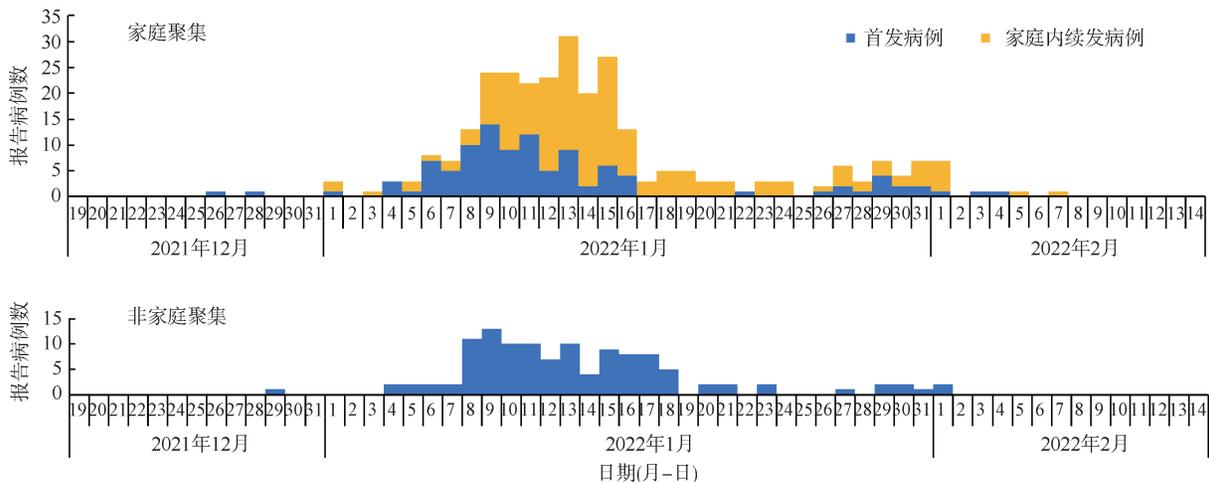
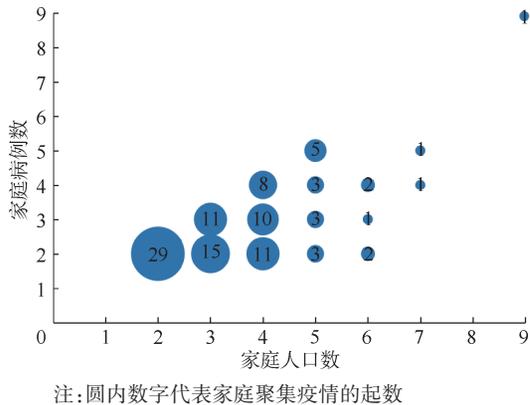


图 2 天津市新型冠状病毒肺炎疫情影响家庭聚集性分布情况



注:圆内数字代表家庭聚集疫情的起数
图3 天津市新型冠状病毒肺炎家庭聚集性疫情
家庭规模与家庭病例数分布

算家庭续发率及其 95%CI, 其中 12~17 岁组为 13.79% (7.16%~24.92%), 明显低于 18~49 岁组的 36.48% (29.40%~44.20%), OR 值 (95%CI) 为 0.378 (0.170~0.840)。见表 2。

表 2 不同年龄组家庭首发病例的传播风险

首发病例 年龄组(岁)	续发率(% ,95%CI)	OR 值(95%CI)
0~	45.45(21.27~71.99)	1.246(0.415~3.740)
5~	31.48(24.83~38.99)	0.863(0.558~1.334)
12~	13.79(7.16~24.92)	0.378(0.170~0.840)
18~	36.48(29.40~44.20)	1.000
50~	39.83(31.45~48.85)	1.092(0.695~1.717)
≥65	38.46(24.89~54.10)	1.054(0.541~2.054)

5. 家庭聚集的影响因素:以是否发生家庭聚集为因变量,以家庭人数、家庭人口代数、是否完成全程疫苗接种(包括加强接种),首发病例的性别、年龄、有无工作、疫苗接种情况、临床分型、发现方式、有无发热、有无咳嗽和有无咽部不适(咽干/痛/痒)为自变量进行单因素 logistic 回归分析。结果显示,是否完成全程疫苗接种和首发病例的疫苗接种情况、发现方式、有无咽部不适有统计学意义。见表 3。

采用后退法将单因素分析中有统计学意义的 4 个变量和首发病例性别、年龄、家庭人口数,引入非条件多因素 logistic 回归模型,分析发现首发病例在封/管控区和居家隔离发现较集中隔离发现的 OR 值 (95%CI) 分别为 2.951 (1.322~6.586) 和 2.287 (1.164~4.495),首发病例出现咽部不适较未出现咽部不适的 OR 值 (95%CI) 为 3.003 (1.576~5.720);家庭内完成全程疫苗接种较未全部完成的 OR 值 (95%CI) 为 0.268 (0.132~0.552)。见表 4。

讨 论

天津市此次本土新冠病毒肺炎疫情感染毒株为 Omicron 变异株,疫情历时 1 个月,累计报告 430 名病例。作为呼吸道传播病毒,新冠病毒传染性强,易发生聚集,多项研究发现疫情聚集以家庭聚集为主^[6-7]。本次疫情中,家庭聚集性病例占 70.90%,与其他研究结果相差不大,略高于 2020 年辽宁省报告的结果 (66.9%)^[8]和全国新冠病毒肺炎疫情初期的报告范围 (41.5%~67.4%)^[9],低于 2020 年贵州省报告的 74.27%^[10];家庭续发率为 33.64%,与 2020 年初浙江省分析的当地家庭续发率 (34.43%)^[11]和同期 *Lancet* 上发布的结果 (35.0%) 相近^[12],明显低于广州市报告的续发率 (46.11%~49.56%)^[13]和连云港市报告的续发率 (41.03%)^[14],与广东省报告的 2020 年 1 月 15 日至 2 月 29 日病例的家庭续发率 (4.84%)^[15]相差甚远(与本研究计算方法不同)。以上相关文献中的家庭续发率均为 2020 年初的数据,其新冠病毒均为原始毒株,本研究家庭续发率与其之间的差异,应该是由毒株变异导致的传染性改变以及疫情发生时防控力度和防控措施的不断完善共同作用的结果。与河南省 Omicron 变异株 BA.2.2 引发的本土疫情家庭续发率 (20.78%) 相比^[16],本次疫情家庭续发率较高。按首发病例年龄分组分别计算家庭续发率,发现 12~17 岁年龄组的家庭续发率低于其他年龄组;以 18~49 岁为参照,仅 12~17 岁年龄组的家庭续发率与其比较存在统计学意义。与美国相关研究结果一致^[17]。12~17 岁年龄组引起的家庭续发率低可能是由于该年龄段青少年多处于中学阶段,学习任务重,加上青春期性格的特点,与其他年龄组相比,与家庭成员的接触相对较少。

本次疫情以津南区和河北区为疫情中心,向周边区域稍有扩散。81.91% 的病例集中在津南区,9.54% 集中在河北区,河北区病例发生家庭聚集的病例占 89.74%,明显高于津南区 (70.15%) 和其他区。这主要是由于河北区病例发病时间接近春节,家庭成员相聚时长较平时增多导致。

对发生家庭聚集的危险因素进行分析发现,首发病例在封/管控区和居家隔离发现,首发病例出现咽部不适仍为发生新冠病毒肺炎家庭聚集的危险因素;家庭内完成全程疫苗接种是发生新冠病毒肺炎家庭聚集的保护因素。在封/管控区和居家隔离状态下,家庭成员间的接触频次和时长都会增

表 3 发生家庭聚集的单因素 logistic 回归分析

变 量	发生聚集家庭	未发生聚集家庭	P 值	OR 值(95%CI)
家庭人数				
2	29(46.77)	33(53.23)	1.000	
3~	55(44.35)	69(55.65)	0.755	0.907(0.492~1.672)
≥5	22(56.41)	17(43.59)	0.347	1.473(0.658~3.297)
家庭人口代数				
一代	23(41.82)	32(58.18)	1.000	
二代	53(46.09)	62(53.91)	0.601	1.189(0.621~2.276)
三代及以上	30(54.55)	25(45.45)	0.183	1.670(0.785~3.549)
有工作的人数占比(%)				
≤50	43(54.43)	36(45.57)	1.000	
>50	63(43.15)	83(56.85)	0.107	0.635(0.366~1.102)
完成全程疫苗接种				
否	34(69.39)	15(30.61)	1.000	
是	72(40.91)	104(59.09)	0.001	0.305(0.155~0.602)
首发病例性别				
男	51(48.57)	54(51.43)	1.000	
女	55(45.83)	65(54.17)	0.681	0.896(0.530~1.514)
首发病例年龄组(岁)				
18~49	34(50.00)	34(50.00)	1.000	
0~	1(25.00)	3(75.00)	0.352	3.000(0.297~30.301)
5~	29(53.70)	25(46.30)	0.684	0.862(0.421~1.763)
12~	12(70.59)	5(29.41)	0.134	0.417(0.132~1.311)
50~	30(75.00)	10(25.00)	0.924	0.967(0.481~1.942)
≥65	13(56.52)	10(43.48)	0.589	0.769(0.297~1.992)
首发病例有无工作				
无	33(50.00)	33(50.00)	1.000	
有	73(45.91)	86(54.09)	0.576	0.849(0.478~1.508)
首发病例疫苗接种情况				
未接种	11(78.57)	3(21.43)	1.000	
未全程接种	3(75.00)	1(25.00)	0.880	0.818(0.061~10.998)
全程接种	46(41.07)	66(58.93)	0.014	0.190(0.050~0.719)
加强接种	46(48.42)	49(51.58)	0.046	0.256(0.067~0.976)
首发病例临床分型				
无症状	1(25.00)	3(75.00)	1.000	
轻型	53(46.09)	62(53.91)	0.421	2.565(0.259~25.392)
普通型	52(50.00)	52(50.00)	0.348	3.000(0.302~29.791)
重型及以上	0(0.00)	2(100.00)	-	-
首发病例发现方式				
集中隔离	46(38.66)	73(61.34)	1.000	
大规模筛查/主动就医(检)	4(40.00)	6(60.00)	0.933	1.058(0.283~3.952)
封/管控区	22(59.46)	15(40.54)	0.028	2.328(1.096~4.942)
居家隔离 ^a	34(57.63)	25(42.37)	0.018	2.158(1.144~4.071)
首发病例有无发热				
无	67(46.53)	77(53.47)	1.000	
有	39(48.15)	42(51.85)	0.815	1.067(0.619~1.841)
首发病例有无咳嗽				
无	69(43.95)	88(56.05)	1.000	
有	37(54.41)	31(45.59)	0.150	1.522(0.859~2.697)
首发病例有无咽部不适				
无	66(40.49)	97(59.51)	1.000	
有	40(64.52)	22(35.48)	0.002	2.672(1.456~4.903)

注：^a本次疫情中居家隔离定义为已判为密切接触或次密切接触、未及时转运者

加,首发病例出现咽部不适症状,都会导致易感者的感染机会增加,发生家庭聚集的概率增大。

国外的一些研究发现,接种新冠病毒疫苗能有效降低感染和传播风险^[18-19]。国内首次针对新冠

病毒灭活疫苗对 Omicron 变异株保护效果的研究亦发现,与未接种疫苗相比,成年人接种 3 剂灭活疫苗能显著减轻临床症状的严重程度,减少重症监护室入住,降低核酸复阳率,并缩短住院和康复时间^[20]。本研究从家庭聚集的角度发现,一个家庭中,所有成员均完成新冠病毒疫苗的全程接种,能降低家庭聚集的发生风险。

因此,建议对判定的密接者尽快进行集中隔离;加强公众的健康教育,在疫情流行期间出现上呼吸道感染症状,尤其是咽部不适的情况,除尽快到正规发热门诊就诊外,在家庭内也要做好自我防护,佩戴口罩,减少与其他人员的交流和接触;尚未完成新冠病毒疫苗全程接种的人员,尽快进行疫苗接种,形成牢固的免疫屏障。

本研究存在局限性。本研究定义的续发率并非二代续发率,由于明确一次暴露而感染的病例较少,目前对 Omicron 变异株感染致新冠病毒肺炎的潜伏期并非十分明确,因此并不能确定 14 d 内续发的病例具体是几代病例;目前天津市全人群新冠病毒疫苗接种率在 90% 以上,家庭内未全部完成全程接种的数量较少,本研究中家庭内未完成全程疫苗接种的家庭仅 15 户,样本量较少,结果外推时存在一定的局限性。

综上所述,本次新冠病毒 Omicron 变异株引发家庭聚集性疫情的风险较高,首发病例在封/管控区和居家隔离发现,首发病例出现咽部不适是发生家庭聚集的危险因素;家庭内完成全程疫苗接种是发生新冠病毒肺炎家庭聚集的保护因素。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 张国平:数据整理、统计学分析、论文撰写;苏承:数据整理、统计学分析;杨杰、严方喆、柏建芸、魏兆飞:数据采集、数据整理;吴伟慎:研究指导、数据采集;张颖:研究指导、论文修改、经费支持

表 4 发生家庭聚集的多因素 logistic 回归分析

变 量	β 值	s_e	Wald χ^2 值	P 值	OR 值(95%CI)
完成全程疫苗接种					
否					1.000
是	1.311	0.366	12.866	<0.001	0.268(0.132~0.552)
首发病例发现方式					
集中隔离					1.000
大规模筛查/主动就医(检)	0.336	0.702	0.230	0.632	1.400(0.354~5.538)
封/管控区	1.082	0.410	6.979	0.008	2.951(1.322~6.586)
居家隔离	0.827	0.345	5.758	0.016	2.287(1.164~4.495)
首发病例出现咽痛干痒症状					
无					1.000
有	1.099	0.329	11.178	<0.001	3.003(1.576~5.720)

参 考 文 献

[1] European Centre for Disease Prevention and Control. Threat assessment brief: implications of the emergence and spread of the SARS-CoV-2 B.1.1.529 variant of concern (Omicron) for the EU/EEA[EB/OL]. (2021-11-26) [2022-03-01]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/Publications-data/threat-assessment-brief-emergence-sars-cov-2-variant-b.1.1.529>.

[2] World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants [EB/OL]. (2022-02-22) [2022-03-01]. <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>.

[3] Tan ZL, Chen ZX, Yu AP, et al. The first two imported cases of SARS-CoV-2 Omicron variant-Tianjin municipality, China, December 13, 2021[J]. China CDC Wkly, 2022, 4(4): 76-77. DOI:10.46234/ccdcw2021.266.

[4] 国家卫生健康委办公厅, 国家中医药管理局办公室. 关于印发新型冠状病毒肺炎诊疗方案(试行第八版 修订版)的通知 [EB/OL]. (2021-04-14) [2022-03-01]. <http://www.nhc.gov.cn/yzygj/s7653p/202104/7de0b3837c8b4606a0594aeb0105232b.shtml>.

[5] 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]. (2021-05-11) [2022-03-01]. <http://www.nhc.gov.cn/xcs/zhengcwj/202105/6f1e8ec6c4a540d99fafef52fc86d0f8.shtml>.

[6] 刘怡芳, 李佳萌, 周朋辉, 等. 天津市新型冠状病毒肺炎聚集性疫情病例分析[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(5):653-656. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200225-00165.

[7] Liu YF, Li JM, Zhou PH, et al. Analysis on cluster cases of COVID-19 in Tianjin[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(5):653-656. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200225-00165.

[8] Chan JFW, Yuan SF, Kok KH, et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster[J]. Lancet, 2020, 395(10223):514-523. DOI:10.1016/S0140-6736(20)30154-9.

[9] 刘莉, 井丽, 礼彦侠, 等. 辽宁省新型冠状病毒肺炎聚集性病例流行病学分析[J]. 中国公共卫生, 2020, 36(4):473-476. DOI:10.11847/zgggws1128823.

[10] Liu L, Jing L, Li YX, et al. Clustering of 2019 novel coronavirus disease cases in Liaoning province: reported data-base analysis[J]. Chin J Public Health, 2020, 36(4):473-476. DOI:10.11847/zgggws1128823.

[11] 中华预防医学会新型冠状病毒肺炎防控专家组. 新型冠状病毒肺炎流行病学特征的最新认识[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(2):139-144. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2020.02.002.

[12] Special Expert Group for Control of the Epidemic of Novel Coronavirus Pneumonia of the Chinese Preventive Medicine Association. An update on the epidemiological characteristics of novel coronavirus pneumonia (COVID-19) [J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(2): 139-144. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2020.02.002.

[13] 雷明玉, 黄艳, 勾云, 等. 贵州省新型冠状病毒肺炎聚集性疫情特征分析[J]. 中国公共卫生, 2020, 36(4):493-497. DOI:10.11847/zgggws1128991.

[14] Lei MY, Huang Y, Gou Y, et al. Characteristics of cluster epidemic of 2019 novel coronavirus disease in Guizhou province[J]. Chin J Public Health, 2020, 36(4): 493-497. DOI:10.11847/zgggws1128991.

[15] 孙琬琬, 凌锋, 潘金仁, 等. 浙江省新型冠状病毒肺炎家庭聚集性疫情流行特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2020, 54(6):625-629. DOI:10.3760/cma.j.cn112150-20200227-00199.

[16] Sun WW, Ling F, Pan JR, et al. Epidemiological characteristics of COVID-19 family clustering in Zhejiang province[J]. Chin J Prev Med, 2020, 54(6):625-629. DOI:10.3760/cma.j.cn112150-20200227-00199.

[17] Liu Y, Eggo RM, Kucharski AJ. Secondary attack rate and superspreading events for SARS-CoV-2[J]. Lancet, 2020, 395(10227):e47. DOI:10.1016/S0140-6736(20)30462-1.

[18] 景钦隆, 李泳光, 马蒙蒙, 等. 基于广州市聚集性疫情的新型冠状病毒肺炎传染性及时续发率研究[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(10):1623-1626. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200310-00305.

[19] Jing QL, Li YG, Ma MM, et al. Contagiousness and secondary attack rate of 2019 novel coronavirus based on cluster epidemics of COVID-19 in Guangzhou[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(10):1623-1626. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200310-00305.

[20] 赵跃媛, 赵兴, 许雷, 等. 连云港市 11 起新冠肺炎家庭聚集性疫情分析[J]. 江苏预防医学, 2021, 32(3):313-314. DOI:10.13668/j.issn.1006-9070.2021.03.017.

[21] Zhao YY, Zhao X, Xu L, et al. The analysis of 11 family clusters of COVID-19 in Lianyungang City[J]. Jiangsu J Prev Med, 2021, 32(3):313-314. DOI:10.13668/j.issn.1006-9070.2021.03.017.

[22] 庄雅丽, 张应涛, 李梦, 等. 广东省新型冠状病毒肺炎聚集性疫情分析[J]. 中华预防医学杂志, 2020, 54(7):720-725. DOI:10.3760/cma.j.cn112150-20200326-00446.

[23] Zhuang YL, Zhang YT, Li M, et al. Analysis on the cluster epidemic of coronavirus disease 2019 in Guangdong province[J]. Chin J Prev Med, 2020, 54(7):720-725. DOI:10.3760/cma.j.cn112150-20200326-00446.

[24] 潘静静, 王莹莹, 王文华, 等. 一起由奥密克戎变异株 BA.2.2 引起的河南省新冠肺炎本土疫情流行病学特征分析[J/OL]. 中国公共卫生, 2022. [2022-04-14]. <http://www.zgggws.com/article/doi/10.11847/zgggws1138726>.

[25] Pan JJ, Wang YY, Wang WH, et al. Epidemiological characteristics of a local COVID-19 outbreak caused by Omicron (BA.2.2) variant in Henan province[J/OL]. Chin J Public Health, 2022. [2022-04-14]. <http://www.zgggws.com/article/doi/10.11847/zgggws1138726>.

[26] McLean HQ, Grijalva CG, Hanson KE, et al. Household transmission and clinical features of SARS-CoV-2 infections[J]. Pediatrics, 2022, 149(3):e2021054178. DOI:10.1542/peds.2021-054178.

[27] Layan M, Gilboa M, Gonen T, et al. Impact of BNT162b2 vaccination and isolation on SARS-CoV-2 transmission in Israeli households: an observational study[J]. Am J Epidemiol, 2022: kwac042. DOI: 10.1093/aje/kwac042. Online ahead of print.

[28] Passaretti CL, Priem JS, Agner TG, et al. Reducing the rates of household transmission: The impact of COVID-19 vaccination in healthcare workers with a known household exposure[J]. Vaccine, 2022, 40(9): 1213-1214. DOI:10.1016/j.vaccine.2022.01.020.

[29] Zheng H, Cao YL, Chen XS, et al. Disease profile and plasma neutralizing activity of post-vaccination Omicron BA.1 infection in Tianjin, China: a retrospective study[Z]. DOI:10.1101/2022.04.09.22273653. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2022.04.09.22273653v1>.