

DOI: 10. 12138/j. issn. 1671-9638. 20233441

· 论 著 ·

## 2021 年江苏省某市新型冠状病毒感染本土疫情中疑似采样点继发感染情况及采样策略评价

张楠<sup>1</sup>, 沈雅<sup>2</sup>, 金广杰<sup>3</sup>, 王寅<sup>4</sup>, 李建军<sup>5</sup>, 胡建利<sup>1</sup>, 朱凤才<sup>6</sup>

(1. 江苏省疾病预防控制中心急性传染病防制所, 江苏 南京 210009; 2. 江苏省疾病预防控制中心综合业务管理办公室, 江苏 南京 210009; 3. 江苏省疾病预防控制中心慢性传染病防制所, 江苏 南京 210009; 4. 扬州市疾病预防控制中心急性传染病防制所, 江苏 扬州 225007; 5. 江苏省疾病预防控制中心性病与艾滋病防制所, 江苏 南京 210009; 6. 江苏省疾病预防控制中心疫苗临床评价所, 江苏 南京 210009)

**[摘要]** 目的 探讨新型冠状病毒(新冠病毒)感染疫情中疑似采样活动引发的新冠病毒继发感染等相关问题。

**方法** 2021 年 7—8 月江苏省某市暴发新冠病毒 Delta 变异株本土疫情, 以此期间江苏省新冠病毒核酸检测系统中的检测信息为依据, 结合病例的流行病学史、实验室基因测序结果等, 筛选出疑似因采样活动引发继发新冠病毒感染的案例, 分析继发病例单次暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔, 评估不同采样模式发生采样点继发新冠病毒感染的风险。**结果** 共有 8 个采样点疑似发生新冠病毒继发感染, 涉及病例 42 例, 其中 L 村开展的大规模新冠病毒核酸检测活动涉及 32 例病例。42 例继发新冠病毒感染病例中, 25 例有明确感染来源并属于单次暴露感染, 分别在与关联病例发病前 3、7 d, 关联病例首次检测阳性前 0、1、3、4 d, 以及首次检测阳性后 1 d 发生单次暴露, 其中在关联病例首次检测阳性后 1 d 发生单次暴露的继发感染病例较多, 占 64.0%(16/25)。不同采样模式发生采样点继发新冠病毒感染的风险为: 大规模人群集中采样 > 以街道或社区为单元的采样 > 入户采样。**结论** 大规模人群集中采样发生采样点继发新冠病毒感染的风险较大, 其引起后续疫情传播和扩散的风险较大, 选择以街道或社区为单元的采样和入户采样的模式较优, 但做好采样现场秩序维护和个人防护仍是避免采样点继发新冠病毒感染的关键措施。

**[关键词]** 新型冠状病毒感染; 核酸检测; 继发感染; 传染性; 采样策略

**[中图分类号]** R183

### Suspected secondary infection in nucleic acid sampling location and the evaluation of sampling strategy in the local SARS-CoV-2 infection outbreak in a City of Jiangsu Province, 2021

ZHANG Nan<sup>1</sup>, SHEN Ya<sup>2</sup>, JIN Guang-jie<sup>3</sup>, WANG Yin<sup>4</sup>, LI Jian-jun<sup>5</sup>, HU Jian-li<sup>1</sup>, ZHU Feng-cai<sup>6</sup> (1. Institute of the Prevention and Control of Acute Infectious Diseases, Jiangsu Provincial Center for Disease Control and Prevention, Nanjing 210009, China; 2. Office of Integrated Affairs Management, Jiangsu Provincial Center for Disease Control and Prevention, Nanjing 210009, China; 3. Institute of the Prevention and Control of Chronic Infectious Diseases, Jiangsu Provincial Center for Disease Control and Prevention, Nanjing 210009, China; 4. Institute of the Prevention and Control of Acute Infectious Diseases, Yangzhou City Center for Disease Control and Prevention, Yangzhou 225007, China; 5. Institute of Venereal Disease and AIDS Prevention, Jiangsu Provincial Center for Disease Control and Prevention,

**[收稿日期]** 2022-09-30

**[基金项目]** 2019 年新型冠状病毒(2019-nCoV)疫情数字精准防控技术研究计划类别项目: 社会发展 - 新型冠状病毒肺炎疫情防控科技应急公关项目(BE2020601)

**[作者简介]** 张楠(1990-), 女(汉族), 山东省菏泽市人, 公共卫生主管医师, 主要从事急性传染病防控、人畜共患传染病防控研究。

**[通信作者]** 朱凤才 E-mail: jszfc@vip.sina.com

Nanjing 210009, China; 6. Institute of Clinical Evaluation of Vaccines, Jiangsu Provincial Center for Disease Control and Prevention, Nanjing 210009, China)

**[Abstract] Objective** To explore the suspected secondary SARS-CoV-2 infection caused by nucleic acid sampling activities during the epidemic of SARS-CoV-2 infection. **Methods** A local epidemic of SARS-CoV-2 Delta variant infection broke out in a city in Jiangsu Province from July to August 2021. Based on the detection information in the SARS-CoV-2 nucleic acid testing information system of Jiangsu Province in this period, combined with the epidemiological history and laboratory genetic sequencing results of the patients, suspected cases of secondary infection caused by sampling activities were screened, and the time interval between onset/first positive test of associated cases and single exposure to secondary cases was calculated. Risks of secondary infection under different sampling modes at sampling locations were assessed. **Results** A total of 8 sampling locations were suspected of secondary infection, involving 42 cases, among which 32 cases had participated in large-scale nucleic acid sampling activities in village-L. Among the 42 cases of secondary SARS-CoV-2 infections, 25 had a clear infection source. Their single exposure with associated cases occurred 3 and 7 days before the onset of associated cases, 0, 1, 3, 4 days before and 1 day after the first positive test of associated cases, respectively. The majority of the single exposure occurred 1 day after the first positive test of associated cases, accounting for 64.0% (16/25). The risk of secondary infection at sampling locations under different sampling modes was: concentrated sampling of large-scale population > sampling based on streets or communities > door-to-door sampling. **Conclusion** The risk of secondary SARS-CoV-2 infection at centralized sampling location of large-scale population is relatively high, which increases the risk of subsequent transmission and spread of the epidemic. The sampling modes based on streets or communities and door-to-door sampling are preferred, but maintaining order at the sampling location and personal protection are still key measures to avoid secondary SARS-CoV-2 infection at the sampling location.

**[Key words]** SARS-CoV-2 infection; nucleic acid test; secondary infection; infectivity; sampling strategy

我国多个城市在新型冠状病毒(新冠病毒)感染疫情防控中的实践经验表明,大规模人群核酸检测是早期发现新冠病毒感染者,及时采取控制措施,有效防控新冠病毒感染疫情的重要举措<sup>[1-4]</sup>。新冠病毒 Delta 变异株传播迅速,且无症状者有传染性<sup>[5-6]</sup>。由于疫情期间大规模核酸采样点组建时间紧,涉及面广,人员感染防控知识水平和配合程度不一,存在人员聚集、交叉感染、废弃物污染等造成疫情传播的潜在风险,如防控措施落实不好,极易导致疫情传播,国内也报道了部分新冠病毒核酸采样点因管理不善出现交叉感染的情况<sup>[7]</sup>。2021 年 7—8 月,江苏省某市暴发新冠病毒 Delta 变异株本土疫情,本次疫情防控中采取了多轮大规模核酸检测策略,因部分采样点在大规模核酸检测过程中未规范落实采样点秩序,造成采样点疑似发生继发新冠病毒感染的情况,导致后续家庭和社会面疫情的传播和扩散<sup>[8]</sup>。

本研究对 2021 年 7—8 月江苏省该市暴发新冠病毒感染本土疫情期间报告的病例开展流行病学调查及溯源分析,综合病例的个案流行病学调查、实验室基因测序结果和核酸检测记录等信息,判断每例病例的感染来源,重点关注是否存在因采样活动引发继发新冠病毒感染的情况;同时,研究继发病例单

次暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔;此外,通过分析该市在本土疫情暴发后开展核酸检测工作的组织管理情况,结合采样点疑似发生继发新冠病毒感染情况,分析评估不同采样模式(大规模人群集中采样、以街道或社区为单元的采样、入户采样)发生继发新冠病毒感染的风险,为采样策略和措施的调整提供科学合理的建议。

## 1 资料与方法

1.1 资料来源 江苏省该市 2021 年 7—8 月新冠病毒感染本土疫情病例数据来源于中国疾病预防控制中心信息系统<sup>[9]</sup>,病例的流行病学史、临床诊断以及实验室检测情况来源于新冠病毒感染病例个案调查报告。病例的新冠病毒核酸检测记录来源于江苏省新冠病毒核酸检测信息系统<sup>[10]</sup>、东软全场景核酸检测信息系统等,通过询问和现场实地调查获取采样点场地设置、人员分布和接触情况等信息。

### 1.2 相关定义

1.2.1 疫情发展阶段分期 根据该市新冠病毒感染本土疫情发生发展情况和防疫措施实施情况,将该市疫情划分为三个发展阶段:疫情发展早期(7 月

23 日—8 月 7 日)、疫情发展中期(8 月 8—15 日)、疫情发展后期(8 月 16—25 日)。

1.2.2 病例定义 ①继发病例:是指在采样活动现场,因采样工作人员和/或受检人员中存在新冠病毒感染者,在采样过程中与上述感染者存在同时空聚集、近距离接触或间接接触等造成后续新冠病毒感染的病例。②关联病例:是指继发病例的直接感染来源病例,即在采样过程中继发病例因与其关联病例存在同时空聚集、近距离接触或间接接触等原因而被感染。

1.2.3 采样模式分类 根据参与采样的人口规模、场地设置和人员配备等特征,将采样模式分为:①大规模人群集中采样;②以街道或社区为单元的采样;③入户采样。

1.3 继发病例的判断标准 依据病例的个案流行病学调查、实验室测序结果及核酸检测记录等信息,制定继发病例的判定标准为:①排除因家庭(同住)、共同工作、就医和聚集性活动等其他途径导致感染的可能性。第一,病例为其家庭(同住)、工作场所、就医、聚集性活动等首先发病的病例或首先检测阳性的病例;第二,相比于上述场景中的其他病例,该病例暴露于可疑传染源的时间更早;第三,未找到支持性证据表明该病例感染来源于上述几种场景中的其他病例,如该病例与上述场景中的其他病例基因测序不存在同源性等。②病例存在采样过程中受感染的可能性。第一,在病例参与的历次核酸检测活

动中,该病例存在与其他病例参加同一混采管检测,在同一时间段(相同时间或前后 30 min)内在前后或左右位置检测,以及在采样现场有近距离接触或间接接触等情况;第二,该病例与上述可疑接触病例在基因序列上存在高度同源性。满足以上①、②中全部情况即可判定继发病例。

1.4 继发病例单次暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔 从继发病例中筛选出属于单次暴露感染的病例,推算继发病例暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔。

1.5 不同采样模式采样点发生继发感染的风险 定性分析大规模新冠病毒核酸检测活动中不同采样模式(大规模人群集中采样、以街道或社区为单元的采样、入户采样)下发生继发新冠病毒感染的风险。

## 2 结果

2.1 继发感染情况 根据判定标准对该市 570 例病例进行判定,结果显示该市共有 8 个采样点出现继发病例,共涉及病例 42 例。其中,W 病例所在 L 村开展的大规模核酸检测活动涉及病例 32 例,与 W 病例存在直接关联的病例有 17 例。W 病例为 L 村发现的首例新冠病毒肺炎病例,在 L 村开展大规模新冠病毒核酸检测期间作为志愿者参与采样点现场秩序维护,后期确诊为新冠病毒肺炎病例。该市其他 7 个采样点出现 10 例继发病例。见表 1。

表 1 该市 8 个采样点继发病例发生情况

Table 1 The occurrence of secondary cases at 8 sampling locations in this city

采样点	疫情发展阶段	采样模式	继发感染来源	涉及病例数	比率(%)
L 村	早期	大规模人群集中采样	关联病例为 W	17	40.5
			与其他关联病例在采样点存在时空聚集	15	35.7
A 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	与关联病例在同一队列前后位置采样	2	4.8
B 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	1 例继发病例为采样工作人员,所服务采样点共发生继发病例 37 例;1 例继发病例与关联病例在同一队列前后相邻位置采样	2	4.8
C 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	与关联病例在采样点存在时空聚集	1	2.4
	中期	以街道或社区为单元的采样	与关联病例在采样点存在时空聚集	1	2.4
D 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	与关联病例在采样点存在时空聚集	1	2.4
E 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	继发病例为采样工作人员,所服务采样点已报告多例确诊病例	1	2.4
F 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	与关联病例在采样点存在时空聚集	1	2.4
G 采样点	早期	以街道或社区为单元的采样	与关联病例在采样点存在时空聚集	1	2.4
合计				42	100

8 个采样点出现继发病例,其中有 7 个发生在疫情发展早期,1 个发生在疫情发展中期;L 村采样点采取大规模人群采样的模式,其余 7 个采样点均为以街道或社区为单元的采样模式。在疫情发展早期,由于缺乏现场新冠病毒核酸检测组织管理经验,在实施大规模和以街道或社区为单位的新病毒核酸检测均出现了继发病例。但相比于以街道或社区为单元的采样模式,采取大规模新冠病毒核酸检测造成的继发病例多,引起后续疫情传播和扩散的情况较为严重。

**2.2 继发病例单次暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔** 42 例继发病例中,有 25 例病例有明确感染来源并属于单次暴露感染,分别在关联病例发病前 3、7 d,关联病例首次检测阳性前 0、1、3、4 d,以及首次检测阳性后 1 d 发生单次暴露,其中在关联病例首次检测阳性后 1 d 发生单次暴露的继发感染病例较多,占 64.0%(16/25)。见表 2。

**表 2** 继发病例单次暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔

**Table 2** Time interval between onset/first positive test of associated cases and single exposure to secondary cases

暴露时间	继发病例数	
关联病例发病前(d)	3	2
	7	1
关联病例首次检测阳性前(d)	0	1
	1	2
	3	2
	4	1
关联病例首次检测阳性后(d)	1	16
合计	25	

**2.3 不同采样模式发生采样点继发感染的风险**

该市在本土新冠病毒感染疫情发展早期,前两轮新冠病毒核酸检测主要是在大型场所(如体育场、停车场)开展大规模人群集中采样,自第三轮新冠病毒核酸检测开始逐渐实行社区网格化管理,以街道或社区为单元的区域化采样模式为主;疫情中后期随着对高风险人群实行集中或居家隔离等管控措施,增加了入户采样的模式。该市 L 村负责采样点秩序维护的工作人员(W 病例)因感染新冠病毒而造成采样点出现 17 例继发病例,上述病例在后续的采样活动中又陆续感染 15 例病例;该市其他 7 个采样点均为受检人员中存在新冠病毒感染者而造成的继发

感染,每个采样点出现 1~2 例继发病例。在该市实施的入户采样活动中,未发现在采样过程中发生继发感染的情况。

**3 讨论**

本研究通过综合运用病例的个案流行病学调查、实验室基因测序结果和核酸检测记录等信息,判定每一例病例可能的感染来源,最终获得该市疑似因采样活动引发的继发感染情况。新冠病毒核酸检测系统为继发感染情况的判定提供了数据支持,为新冠病毒感染疫情处置中病例的溯源提供了新的途径<sup>[11]</sup>。

该市在本土新冠病毒感染疫情发生早期,当采样工作人员或者受检人员中存在新冠病毒感染者时,规模性采样活动中因现场受检人员多且流动性大、现场秩序较难维护等因素造成人员近距离接触机会大,发生继发感染及后续疫情传播和扩散的风险较大,导致发生多起因采样活动引发的继发感染,尤其是 L 村 W 病例导致继发感染的典型案例<sup>[7]</sup>。疫情发展中期,该市采取科学划定防控区域、实施分区分类管理、规范采样活动组织管理秩序等措施,以街道或社区为单元的采样模式引发继发感染的情况明显减少。疫情后期通过对高风险人群实行集中或居家隔离等管控措施,采取入户采样的模式,受检人员之间无接触暴露机会,未再发生因采样活动引发的继发感染。提示相比于大规模人群集中采样的模式,以街道或社区为单元的采样模式发生继发感染和后续疫情传播和扩散的风险明显降低。因此,在规模化新冠病毒核酸检测活动中,应优先选取以街道或社区为单元的采样模式,而对于高风险管控人群,应采取入户采样的模式。通过后期开展采样点现场情况调查,该市发生的疑似因采样活动引发的继发感染案例均与受检人员未严格遵守采样秩序,未保持 1 m 间距、与周围人群交流、未规范佩戴口罩等个人防护措施执行不到位有关<sup>[8]</sup>。因此,虽然选择以街道或社区为单元的采样和入户采样能够降低在采样过程中发生继发感染的风险,但是采样工作人员和受检人员严格遵守现场采样秩序、做好个人防护仍是避免发生采样点继发感染的关键措施<sup>[12]</sup>。

本研究分析疑似因采样活动引发的继发感染案例,统计继发感染单次暴露与关联病例发病/首次检测阳性的时间间隔,继发病例分别在关联病例发病前 3、7 d,首次检测阳性前 0、1、3、4 d,以及首次检测阳性后 1 天发生单次暴露,与新冠病毒传染性的

相关研究<sup>[13-16]</sup>结果相符。因受关联病例与继发病例的接触和防护状态、参与分析的病例样本量、新冠病毒 Delta 变异株的传播特点、关联病例自身免疫特征, 以及当地疫情管控措施等多重因素影响, 本数据仅能为新冠病毒感染病例的传染性研究提供一定的参考, 并不能为病例传染期的判定提供科学准确的指导。

新冠病毒核酸检测信息系统在新冠病毒感染疫情处置中的病原溯源方面发挥了重要作用, 但也存在一定的局限。系统中的新冠病毒核酸检测信息可协助提供同一采样队列中新冠病毒感染者前后位置的密切接触人员, 但无法精确判定与其左右相邻队列的人员, 需要结合采样现场监控资料或者进一步询问相关人员等获取详细信息。

利益冲突: 所有作者均声明不存在利益冲突。

## [参 考 文 献]

- [1] 周燕, 肖建鹏, 胡建雄, 等. 我国常态化防控阶段的新型冠状病毒肺炎本土疫情流行特点和防控经验[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(4): 466-477.  
Zhou Y, Xiao JP, Hu JX, et al. Epidemiological characteristics of local COVID-19 epidemics and control experience in routine prevention and control phase in China[J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2022, 43(4): 466-477.
- [2] 谢玮. 北京进行大规模核酸检测, 一周排查 70 万人[J]. 中国经济周刊, 2020(12): 37-39.  
Xie W. A massive nucleic acid test was carried out in Beijing, screening 700,000 people a week[J]. China Economic Weekly, 2020(12): 37-39.
- [3] 余晗, 刘铭可, 赵子武, 等. 关于城市大规模核酸检测高效搭建信息化系统的实践[J]. 安徽医学, 2021, 20(6): 1-3, 6.  
She H, Liu MK, Zhao ZW, et al. An efficient practice of constructing information management systems for large-scale nucleic acid testing[J]. Journal of Anhui Medical College, 2021, 20(6): 1-3, 6.
- [4] Li ZJ, Liu FF, Cui JZ, et al. Comprehensive large-scale nucleic acid-testing strategies support China's sustained containment of COVID-19[J]. Nat Med, 2021, 27(5): 740-742.
- [5] Li RY, Pei S, Chen B, et al. Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2)[J]. Science, 2020, 368(6490): 489-493.
- [6] 张云辉, 赵雅琳, 闫晶晶, 等. 2021 年 8—9 月全球主要疫情回顾[J]. 传染病信息, 2021, 34(5): 477-480.  
Zhang YH, Zhao YL, Yan JJ, et al. Review of the world's major epidemics from August to September in 2021[J]. Infectious Disease Information, 2021, 34(5): 477-480.
- [7] 陈雨薇, 李超, 李润文. 扬州一核酸检测点防控失误致 34 人感染[N]. 中国青年报, 2021-08-10(4).

- Chen YW, Li C, Li RW. A nucleic acid test site in Yangzhou caused 34 infections[N]. China Youth Daily, 2021-08-10(4).
- [8] 徐琳, 何丽仪, 国宁, 等. Delta 变异株新型冠状病毒肺炎疫情下社区大范围核酸检测工作流程探讨[J]. 中国临床护理, 2021, 13(9): 539-542.  
Xu L, He LY, Guo N, et al. Study on the workflow of large-scale community nucleic acid testing under the COVID-19 outbreak of Delta variant strain[J]. Chinese Clinical Nursing, 2021, 13(9): 539-542.
- [9] Wang LD, Wang Y, Jin SG, et al. Emergence and control of infectious diseases in China[J]. Lancet, 2008, 372(9649): 1598-1605.
- [10] 王路露, 季英凯, 张楠, 等. 江苏省新冠病毒核酸检测系统的建设及探讨[J]. 江苏预防医学, 2022, 33(1): 112-114.  
Wang LL, Ji YK, Zhang N, et al. Construction and discussion of nucleic acid detection system for novel coronavirus SARS-CoV-2 in Jiangsu Province[J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2022, 33(1): 112-114.
- [11] 张楠, 胡建利, 朱立国, 等. 病毒核酸检测信息系统在新冠疫情处置中的应用[J]. 江苏预防医学, 2022, 33(5): 614-615.  
Zhang N, Hu JL, Zhu LG, et al. Application of virus nucleic acid detection information system in the management of novel coronavirus SARS-CoV-2 outbreak[J]. Jiangsu Journal of Preventive Medicine, 2022, 33(5): 614-615.
- [12] 周玲, 肖夕凤, 韩雪, 等. 新型冠状病毒核酸检测临时采样点感染防控的实践探索[J]. 医疗装备, 2022, 35(15): 63-66.  
Zhou L, Xiao XF, Han X, et al. Practical exploration of infection prevention and control in temporary sampling sites for novel coronavirus nucleic acid testing[J]. Medical Equipment, 2022, 35(15): 63-66.
- [13] Pan Y, Zhang DT, Yang P, et al. Viral load of SARS-CoV-2 in clinical samples[J]. Lancet Infect Dis, 2020, 20(4): 411-412.
- [14] Kim JY, Ko JH, Kim Y, et al. Viral load kinetics of SARS-CoV-2 infection in first two patients in Korea[J]. J Korean Med Sci, 2020, 35(7): e86.
- [15] Arons MM, Hatfield KM, Reddy SC, et al. Presymptomatic SARS-CoV-2 infections and transmission in a skilled nursing facility[J]. N Engl J Med, 2020, 382(22): 2081-2090.
- [16] 杨孝坤, 李昱, 赵宏婷, 等. 新型冠状病毒感染不同阶段的传染性研究进展[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(1): 33-38.  
Yang XK, Li Y, Zhao HT, et al. Advance on the infectivity of SARS-CoV-2 infection at different stages[J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2021, 42(1): 33-38.

(本文编辑: 文细毛)

**本文引用格式:**张楠, 沈雅, 金广杰, 等. 2021 年江苏省某市新型冠状病毒感染本土疫情中疑似采样点继发感染情况及采样策略评价[J]. 中国感染控制杂志, 2023, 22(5): 581-585. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20233441.

**Cite this article as:** ZHANG Nan, SHEN Ya, JIN Guang-jie, et al. Suspected secondary infection in nucleic acid sampling location and the evaluation of sampling strategy in the local SARS-CoV-2 infection outbreak in a City of Jiangsu Province, 2021[J]. Chin J Infect Control, 2023, 22(5): 581-585. DOI: 10.12138/j.issn.1671-9638.20233441.