

## · 新型冠状病毒感染疫情防控 ·

# 新型冠状病毒感染者航班同乘风险人员 排查效果分析

李丹<sup>1</sup> 秦颖<sup>1</sup> 范思萌<sup>1</sup> 彭质斌<sup>1</sup> 葛辉<sup>2</sup> 常昭瑞<sup>1</sup> 张睿<sup>2</sup> 杨孝坤<sup>1</sup> 赵宏婷<sup>1</sup>  
郑建东<sup>1</sup> 于石成<sup>3</sup> 王晖<sup>4</sup> 严俊<sup>5</sup> 李中杰<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup>中国疾病预防控制中心传染病管理处,北京 102206;<sup>2</sup>中国疾病预防控制中心信息中心,北京 102206;<sup>3</sup>中国疾病预防控制中心流行病学办公室,北京 102206;<sup>4</sup>国家疾病预防控制中心,北京 100088;<sup>5</sup>中国疾病预防控制中心,北京 102206

通信作者:李中杰,Email: lizj@chinacdc.cn;严俊,Email: yanjun@chinacdc.cn

**【摘要】** 目的 分析新型冠状病毒(新冠病毒)感染者航班同乘人员新冠病毒核酸阳性检出情况,为有效确定风险人员排查范围提供依据。方法 回顾性收集我国 2020 年 4 月 1 日至 2022 年 4 月 30 日本土新冠病毒感染者航班同乘人员信息,采用 $\chi^2$ 检验分析比较指示病例发病前不同时间、不同座位距离和不同新冠病毒变异株流行期的同乘人员核酸阳性检出率。结果 研究期间,新冠病毒感染者共涉及 370 架次航班和 23 548 名同乘人员,累计判定指示病例 433 名。指示病例的同乘人员中,核酸检测阳性人员 72 名,其中,与指示病例同行人员 57 名,非同行人员 15 名。对 15 名非同行的阳性同乘人员进一步分析显示,86.67% 在指示病例诊断后 3 d 内发病或检测阳性,乘机时间均在指示病例发病前 4 d 内,指示病例前后三排内的阳性检出率为 0.15% (95%CI: 0.08%~0.27%),显著高于前后三排外的阳性检出率[0.04% (95%CI: 0.02%~0.10%),  $P=0.007$ ],前后三排内各排的阳性检出率差异无统计学意义( $P=0.577$ )。不同类型变异株流行期间,非同行的同乘人员阳性检出率差异无统计学意义( $P=0.565$ )。Omicron 变异株流行期中,非同行人员阳性检出集中在指示病例发病前 3 d 内。结论 指示病例航班同乘人员的风险排查时间可设定为指示病例发病前 4 d 内。指示病例前后三排内的同乘人员应作为优先排查人员,并作为密切接触者进行管理,座位距离在指示病例前后三排外的同乘人员可作为一般风险人员进行排查和管理。

**【关键词】** 新型冠状病毒; 阳性检出率; 接触者追踪; 航班

**基金项目:**国家重点研发计划(2020YFA0708100);首都卫生发展科研专项(2022-4G-4222);公共卫生应急响应机制运行项目(102393220020010000017)

## Performance of screening of contacts of COVID-19 cases in same flight

Li Dan<sup>1</sup>, Qin Ying<sup>1</sup>, Fan Simeng<sup>1</sup>, Peng Zhibin<sup>1</sup>, Ge Hui<sup>2</sup>, Chang Zhaorui<sup>1</sup>, Zhang Rui<sup>2</sup>, Yang Xiaokun<sup>1</sup>, Zhao Hongting<sup>1</sup>, Zheng Jiandong<sup>1</sup>, Yu Shicheng<sup>3</sup>, Wang Hui<sup>4</sup>, Yan Jun<sup>5</sup>, Li Zhongjie<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup>Division of Infectious Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China; <sup>2</sup>Information Center, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China;

<sup>3</sup>Office for Epidemiology, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China;

<sup>4</sup>National Bureau for Disease Control and Prevention, Beijing 100088, China; <sup>5</sup>Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

Corresponding authors: Li Zhongjie, Email: lizj@chinacdc.cn; Yan Jun, Email: yanjun@chinacdc.cn

**【Abstract】 Objective** To understand the performance of 2019-nCoV nucleic acid

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20230228-00112

收稿日期 2023-02-28 本文编辑 张婧

引用格式:李丹,秦颖,范思萌,等.新型冠状病毒感染者航班同乘风险人员排查效果分析[J].中华流行病学杂志,2023,44(5):713-719. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20230228-00112.

Li D, Qin Y, Fan SM, et al. Performance of screening of contacts of COVID-19 cases in same flight[J]. Chin J Epidemiol, 2023, 44(5):713-719. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20230228-00112.



detection in screening of contacts of COVID-19 cases in same flights and provide evidence for the effective screening of persons at high risk for the infection in domestic flights. **Methods** The information of passengers who took same domestic flights with COVID-19 cases in China from April 1, 2020 to April 30, 2022 were retrospectively collected, and  $\chi^2$  test was used to analyze positive nucleic acid detection rates in the passengers in different times before the onsets of the index cases, in different seat rows and in epidemic periods of different 2019-nCoV variants. **Results** During the study period, a total of 433 index cases were identified among 23 548 passengers in 370 flights. Subsequently, 72 positive cases of 2019-nCoV nucleic acid were detected in the passengers, in whom 57 were accompanying persons of the index cases. Further analysis of the another 15 passengers who tested positive for the nucleic acid showed that 86.67% of them had onsets or positive detections within 3 days after the diagnosis of the index cases, and the boarding times were all within 4 days before the onsets of the index cases. The positive detection rate in the passengers who seated in first three rows before and after the index cases was 0.15% (95%CI: 0.08%-0.27%), significantly higher than in the passengers in other rows (0.04%, 95%CI: 0.02%-0.10%,  $P=0.007$ ), and there was no significant difference in the positive detection rate among the passengers in each of the 3 rows before and after the index cases ( $P=0.577$ ). No significant differences were found in the positive detection rate in the passengers, except the accompanying persons, among the epidemics caused by different 2019-nCoV variants ( $P=0.565$ ). During the Omicron epidemic period, all the positive detections in the passengers, except the accompanying persons, were within 3 days before the onset of the index cases. **Conclusions** The screening test of 2019-nCoV nucleic acid can be conducted in the passengers took the same flights within 4 days before the onsets of the index cases on board. Passengers who seated within 3 rows from the index cases can be considered as the close contacts at high risk for 2019-nCoV, for whom screening should be conducted first and special managements are needed. The passengers in other rows can be classified as general risk persons for screening and management.

**【Key words】** 2019-nCoV; Positive detection rate; Contact tracing; Flight

**Fund programs:** National Key Research and Development Program of China (2020YFA0708100); Capital's Funds for Health Improvement and Research (2022-4G-4222); Public Health Emergency Response Mechanism Operation Program (102393220020010000017)

新型冠状病毒(新冠病毒)感染是新冠病毒引起的一种急性呼吸道传染病,传染性强,可通过呼吸道飞沫、密切接触、气溶胶和接触被污染的物品等多种途径传播,人群普遍易感<sup>[1-2]</sup>。我国疫情防控前期,密切接触者(密接)追踪管理是阻断疫情传播扩散的重要措施<sup>[3]</sup>。病毒感染的风险可能与感染不同变异株后的潜伏期、传染期、排毒量、接触方式和频次、空间特点、通风和气流情况、个人防护情况等众多因素有关<sup>[4-6]</sup>,特别是应对传播力极强的 Omicron 变异株<sup>[7-8]</sup>,对全面、准确、及时追踪密接提出了更高要求,因此密接判定标准和追踪方式成为疫情防控的难点。防控政策调整后,综合考虑防控目标、疫情形势和资源可及性后,可能仍需对部分具有较高重症风险或脆弱人群传播风险的密接进行追踪<sup>[9]</sup>,疫情防控前期累积的不同时间和不同范围接触人群的风险大小等经验,可为准确判断高风险密接并高效开展调查提供依据,也可为其他传染病的防控措施制定提供参考。

航空运输具有跨地市跨区域的特点,是疫情远距离传播扩散的重要途径之一<sup>[10-11]</sup>。为不断完善

航班乘客中的风险人员排查,我国运用数字接触追踪技术,以民航部门购票信息为基础,依据特定统计规则,在新冠病毒感染者报告后,计算产生感染者的飞机同乘人员,供排查风险人员时参考。为评估航班同乘风险人员的合理判定范围,本研究基于 2020 年 4 月至 2022 年 4 月中国本土新冠病毒感染者境内航班同乘人员数据,涵盖全部国内民航航班,分析不同位置范围、不同乘机日期暴露者的核酸阳性检出情况,为有效开展新冠病毒感染者航班同乘人员风险排查追踪提供依据。

## 资料与方法

1. 资料来源:来源于疫情防控管理平台新冠病毒感染者境内航班同乘人员数据,包括登机日期、航班号、座位号等;中国疾病预防控制中心传染病报告管理系统中新冠病毒感染报告个案信息,包括发病日期、订正前诊断日期、诊断日期等;新冠病毒感染者个案流行病学调查(流调)资料,包括同住、同单位、同旅行团密接等情况。

2. 相关定义:采用的诊断日期均为初次诊断的日期。感染者:2020 年 4 月 1 日至 2021 年 11 月 11 日报告,且在发病日期(无症状感染者为检测阳性之日)前 14 d 内有境内航班旅行史的本土新冠病毒感染者;2021 年 11 月 12 日至 2022 年 4 月 30 日报告,且在发病日期(无症状感染者为检测阳性之日)前 4 d 内有境内航班旅行史的本土新冠病毒感染者。指示病例:同航班人员中诊断日期最早的新冠病毒感染者。同乘人员:阶段 I (2020 年 4 月 1 日至 2021 年 11 月 11 日),按感染者发病日期前 14 d 至启动同乘人员排查的时间范围内,其乘坐航班座位的前后三排和本排的同航班旅客;阶段 II (2021 年 11 月 12 日至 2022 年 4 月 30 日),按感染者的发病日期前 4 d 至启动同乘人员排查的时间范围内,其航班整舱的同航班旅客。同行人员:同乘人员中与指示病例有相同住址、工作单位或共同旅行者。同乘阳性检出人员:同乘人员中,诊断日期晚于指示病例且在乘机后 14 d 内检测核酸阳性的乘客。同乘人员阳性检出率:指示病例诊断后其同乘人员中核酸阳性检出人员在航班同乘人员中所占的比例,同乘人员分为包含同行人员和排除同行人员两种情况。

3. 变异株流行期划分:根据我国本土新冠病毒感染聚集性疫情的流行变异株情况,按照是否出现 Omicron 变异株本土流行及是否全部为 Omicron 变异株疫情,将我国本土疫情划分为 3 个流行期:非 Omicron 变异株流行期(2020 年 4 月至 2021 年 12 月)、Delta/Omicron 变异株流行期(2022 年 1-2 月)、Omicron 变异株流行期(2022 年 3-4 月)。

4. 研究方法:根据登机日期和航班号确定同航班人员,基于身份识别号、姓名剔除重复记录后,确定航班中的感染者。按诊断日期先后区分感染者中的指示病例和同乘阳性检出人员,按传染病报告管理系统的个案信息以及流调资料区分同乘人员中指示病例的同行人员和其他同乘人员。统计航班中不同座位范围同乘人员的阳性检出率、指示病例发病前不同天数内和不同新冠病毒变异株流行期同乘人员阳性检出率,分析阳性检出人员的发病/诊断时间间隔分布。

5. 统计学分析:应用 Excel 2021 和 R 4.2.1 软件进行数据清理和分析。计数资料采用频数、构成比或率(%)表示,组间差异分析采用  $\chi^2$  检验或 Fisher 确切概率法。

阳性检出率使用 Wald 正态近似估计其 95%CI。双侧检验,检验水准  $\alpha=0.05$ 。

## 结 果

1. 新冠病毒感染者航班同乘人员及核酸阳性检出情况:2020 年 4 月至 2022 年 4 月我国本土新冠病毒感染者涉及境内航班 370 架次、同乘人员 23 548 名。累计判定指示病例 433 名,阳性检出人员 72 名,其中 57 名(79.17%)为指示病例的同行人员,非同行人员检出阳性 15 名。其中,阶段 I,共排查同行人员 8 688 名,平均每架航班排查 35.17 名,排除同行人员后阳性检出率为 0.05%;阶段 II,共排查同行人员 14 860 名,平均每架航班排查人数上升至 120.81 名,排除同行人员后阳性检出率为 0.07%,与阶段 I 阳性检出率的差异无统计学意义( $P=0.422$ )。见表 1。

2. 指示病例发病前不同天数同乘人员核酸阳性检出情况:排除指示病例同行人员后,指示病例发病前  $\leq 4$  d 的 18 073 名同乘人员中,检出 15 名阳性,阳性检出率为 0.08%(95%CI:0.05%~0.13%)。在指示病例发病前 4 d 内同乘人员各天均有阳性检出,各天的检出率差异无统计学意义( $P=0.215$ )。发病前 5~14 d 的 5 447 名同乘人员中,排除同行人员后无阳性人员检出。见表 2。

3. 指示病例不同距离同乘人员的核酸阳性检出情况:航班同乘人员前后三排内的阳性检出率为 0.49%(95%CI:0.35%~0.68%),显著高于前后三排外的阳性检出率[0.04%(95%CI:0.02%~0.10%)],

表 1 新型冠状病毒感染者航班同乘人员风险排查及核酸阳性检出情况

指标	阶段 I	阶段 II	合计
航班数(架次)	247	123	370
同乘人员			
包含同行人员	8 688	14 860	23 548
排除同行人员	8 586	14 843	23 429
每架航班平均排查人数	35.17	120.81	63.64
新型冠状病毒感染者数	342	163	505
指示病例数	297	136	433
同乘阳性检出人员			
包含同行人员	45	27	72
排除同行人员	4	11	15
阳性检出率(% ,95%CI)			
包含同行人员	0.52(0.39~0.69)	0.18(0.12~0.26)	0.31(0.25~0.39)
排除同行人员	0.05(0.02~0.12)	0.07(0.04~0.13)	0.06(0.04~0.10)

注:阶段 I :2020 年 4 月 1 日至 2021 年 11 月 11 日;阶段 II :2021 年 11 月 12 日至 2022 年 4 月 30 日

表 2 指示病例发病前不同天数同乘人员新型冠状病毒阳性检出率(% ,95%CI)

指示病例发病前天数(d)	包含同行人员	排除同行人员
≤4	0.22(0.16~0.30)	0.08(0.05~0.13)
0~1	0.19(0.10~0.35)	0.06(0.02~0.17)
2	0.27(0.16~0.46)	0.10(0.04~0.24)
3	0.21(0.11~0.40)	0.12(0.05~0.28)
4	0.18(0.09~0.37)	0.05(0.01~0.19)
5~14	0.61(0.44~0.85)	0.00(0.00~0.07)

$P<0.001$ 。其中,与指示病例同排的阳性检出率最高[1.90%(95%CI: 1.23%~2.92%)],显著高于前后三排内的阳性检出率[0.49%(95%CI: 0.35%~0.68%)], $P<0.001$ 。排除指示病例同行人员后,航班同乘人员前后三排内的阳性检出率[0.15%(95%CI: 0.08%~0.27%)]仍显著高于前后三排外的阳性检出率[0.04%(95%CI: 0.02%~0.10%)], $P=0.007$ ,前后三排内各排的阳性检出率差异无统计学意义( $P=0.577$ )。见表 3。指示病例前后三排外共检出 4 名病例,散布在距离指示病例的 11、19、23 和 46 排,均在 2022 年 3~4 月 Omicron 变异株流行期乘机,乘机日期分别在指示病例发病前 3、1、2 和 1 d。

4. 同乘阳性检出人员的发病/诊断时间分布:在指示病例非同行的同乘人员检出的 15 名阳性人员中,93.33%(14 名)的发病日期和诊断日期均在指示病例诊断日期后 5 d 内,86.67%(13 名)在指示病例诊断后 3 d 内发病或检测核酸阳性;阳性检出人员发病日期与指示病例诊断日期之差的平均值为 2.60 d,阳性检出人员诊断日期与指示病例诊断日期之差的平均值为 3.07 d。

5. 不同变异株流行期的核酸阳性检出情况:3 个不同变异株流行期,在指示病例非同行的同乘人员中,阳性检出率分别为 0.11%(95%CI: 0.04%~0.29%)、0.18%(95%CI: 0.03%~0.10%) 和 0.20%

(95%CI: 0.09%~0.44%)。随着 Omicron 变异株的出现,阳性检出率上升,但 Omicron 变异株流行期和非流行期的阳性检出率差异无统计学意义( $P=0.565$ )。见表 4。

在 Omicron 变异株流行期,排除同行人员后阳性人员检出 6 名,均发生在指示病例发病前 3 d 内搭乘的航班中,其中 2 名为前 2 d、4 名为前 3 d,2 名为同排、2 名为前后一排、1 名为前后两排、1 名为前后三排;在 Delta/Omicron 变异株流行期中,排除同行人员后阳性人员检出 1 名,发生在指示病例发病前 4 d 内搭乘的航班中,前后一排;在非 Omicron 变异株流行期中,排除同行人员后阳性人员检出 4 名,均发生在指示病例发病前 4 d 内搭乘的航班中,其中 1 名为前 1 d、2 名为前 2 d、1 名为前 4 d,1 名为同排、1 名为前后一排、1 名为前后两排、1 名为前后三排。

## 讨 论

本研究基于 2020 年 4 月至 2022 年 4 月全国新冠病毒感染者境内航班同乘人员数据,系统分析了中国本土新冠病毒感染者航班同乘人员的核酸阳性检出情况,发现检出率与乘客和指示病例的相对位置、乘机时间距离指示病例发病天数以及不同的变异株流行相关,非同行的同乘人员中指示病例前后三排内和发病前 4 d 内的阳性检出率相对较高,研究结果可为有效追踪密接提供科学参考。

本研究有 79.17% 的阳性检出人员为与指示病例同行人员。同行人员极可能在同乘之外的其他接触中感染<sup>[12-13]</sup>。并且,同行人员在密接排查中可通过流调询问等常规方法获得,通常可以迅速、准确地追踪到,不必依赖同乘数据计算即可开展排查。因此,本研究在分析中按是否为同行人员分层,以尽可能排除同行接触导致感染的影响,也可

表 3 与指示病例不同座位距离的同乘人员新型冠状病毒阳性检出率

与指示病例的座位距离	包含同行人员			排除同行人员		
	阳性检出率(% ,95%CI)	$\chi^2$ 值	$P$ 值 <sup>a</sup>	阳性检出率(% ,95%CI)	$\chi^2$ 值	$P$ 值 <sup>a</sup>
前后三排内	0.49(0.35~0.68)	41.32	<0.001	0.15(0.08~0.27)	7.24	0.007
同排	1.90(1.23~2.92)	166.94	<0.001	0.29(0.10~0.85)	10.36	0.001
前后一排	0.41(0.22~0.78)	25.94	<0.001	0.18(0.07~0.47)	6.46	0.011
前后二排	0.15(0.05~0.44)	9.05	0.003	0.10(0.03~0.37)	1.50	0.222
前后三排	0.16(0.05~0.47)	9.61	0.002	0.11(0.03~0.39)	1.63	0.201
其他位置	0.04(0.02~0.10)			0.04(0.02~0.10)		

注:均为指示病例发病日期前 4 d 内同乘人员;<sup>a</sup>与其他位置数据比较

表 4 不同变异株流行期的新型冠状病毒感染者航班同乘人员风险排查及核酸阳性检出情况

指标	非 Omicron 变异株流行期 (2020 年 4 月至 2021 年 12 月)	Delta/Omicron 变异株流行期 (2022 年 1-2 月)	Omicron 变异株流行期 (2022 年 3-4 月)
航班数(架次)	107	16	91
每架航班平均排查人数	33.21	35.81	33.07
指示病例数	126	18	102
后续阳性检出人员			
包含同行人员	14	7	14
排除同行人员	4	1	6
同乘人员			
包含同行人员	3 553	573	3 009
排除同行人员	3 539	567	3 001
阳性检出率(% , 95%CI)			
包含同行人员	0.39(0.23~0.66)	1.22(0.59~2.50)	0.47(0.28~0.79)
排除同行人员	0.11(0.04~0.29)	0.18(0.03~0.10)	0.20(0.09~0.44)

注:均为指示病例发病前 4 d 内前后三排内的同乘人员

以观察到基于大数据计算的数字接触追踪在常规流调之上的额外收益。

本研究发现在指示病例发病前 5~14 d,非同行的同乘人员后续无阳性检出,而前 4 d 内均有阳性检出。浙江省 2020 年 1-7 月新冠病毒感染密接的队列观察也发现,与其他时间间隔相比,在感染者发病前 2 d 至发病后 3 d 内的传播风险最高<sup>[14]</sup>。我国于 2021 年 11 月 12 日调整新冠病毒感染者同航班人员计算规则,计算起始点从感染者发病前 14 d 调整为 4 d,实现了在尽可能不漏掉风险人员的前提下提高排查效率的目的。Omicron 变异株感染者的平均潜伏期与平均潜隐期较 Delta 变异株和原始株进一步缩短<sup>[15-18]</sup>。国内聚集性疫情调查结果显示,Omicron 变异株感染者的潜伏期为 3.8(95%CI: 3.5~4.1)d、潜隐期为 3.1(95%CI: 2.8~3.5)d<sup>[19]</sup>,因此其在发病日期前可检出阳性人员需要排查的时间至少应≤4 d。本研究对指示病例发病前 4 d 内的分析结果显示,Omicron 变异株流行期中非同行的同乘人员的阳性检出集中在前 3 d 内,提示在防控政策调整后可根据防控目标和不同日期风险大小进一步缩短排查日期范围。

本研究发现,航班同乘人员的非同行人员核酸阳性检出多集中于指示病例的前后三排内,同排的检出率最高,其他位置的检出率差异无统计学意义;但仍有部分检出人员为前后三排外,分散在距离较远的各排,无特定位置规律,可能是无人际关联的乘客间在飞机同乘外的偶发接触所致(例如机场摆渡车同乘)。既往关于麻疹的研究也发现,在旅行过程各个阶段的接触,均可能导致座位较远的

同乘旅客感染<sup>[20]</sup>,例如在机场航站楼(办理登机手续、行李提取、中转休息室或登机口等)或机场摆渡车中。本研究还发现,前后三排外非同行阳性人员的检出,全部发生在 2022 年 3-4 月 Omicron 变异株流行期,前后三排外者的阳性检出率为 26.67%(4/15),提示传播力更强的 Omicron 变异株的流行可能增加了乘客间偶发接触的感染概率。

WHO 在其新冠病毒接触者追踪指南中曾建议的参考规则为指示病例的前后两排内<sup>[21]</sup>。各国新冠病毒接触者追踪建议与 WHO 一致或略有修改,例如欧洲 CDC 早期指南中表述为坐在指示病例任何方向的两个座位范围内<sup>[22]</sup>,加拿大为指示病例 2 m 范围内<sup>[23]</sup>。但仍有研究显示,同机舱内二排外的乘客亦存在感染风险<sup>[24-25]</sup>。2020 年 11 月欧洲 CDC 更新的指南中,表述修改为与指示病例坐在同一座位区域的乘客,且发现续发感染者后全舱乘客均应被视为高风险暴露接触者<sup>[26]</sup>。而我国新冠病毒感染防控方案中将感染者同排和前后三排乘客判定为飞机同乘密接<sup>[27]</sup>。本研究结果支持新冠病毒感染者前后三排范围内乘客同乘感染风险最高,但 Omicron 变异株流行期前后三排外亦存在感染风险,可根据防控目标和风险大小扩大或缩小排查座位范围。

本研究发现,86.67%的非同行阳性检出人员在指示病例诊断后 3 d 内发病或检测阳性。我国密接检测频次总体较高,根据我国新冠病毒感染防控方案<sup>[27-28]</sup>,研究期间,在隔离后 1~4 d 或出现症状后至少开展 1~2 次核酸检测,部分疫情处置中还增加了隔离初期的检测频次,使同乘感染者更快被发

现。本研究结果还说明,为降低疫情更大范围传播和扩散的风险,特别是在潜伏期短、传染性进一步增强的 Omicron 变异株流行期<sup>[15]</sup>,在发现指示病例后,需尽可能在 1~2 d 内完成航班同乘人员计算并提供数据,以对风险人员进行快速追踪。荷兰数学模型模拟也发现,若在出现症状 3 d 后进行检测,即使追踪到所有接触者也无法有效控制疫情扩散<sup>[29]</sup>。

本研究存在局限性。第一,由于无法复盘每一名阳性检出人员的具体发现过程,无法确定后续感染者均由航班同乘人员风险排查发现;第二,由于存在指示病例和续发病例同时被诊断甚至续发病例更早被诊断的特殊情况,本研究阳性检出人员仅立足于同乘人员数据排查角度的定义,不能解释为同乘续发率;第三,在防控政策调整后,若乘机要求、乘客的防护、旅程中的行为、人群近期感染率、疫苗接种率以及流行毒株传染性发生显著变化时,阳性检出率将受到影响;第四,本研究中阳性检出人员数较少,检出率可信区间较宽。

传统流调对感染者的人际关系追踪在多数情况下快速、准确,但较难获取人流复杂场所的陌生人接触者信息,人员、时间、地点、行为等信息有时会出现回忆错误和隐瞒的情况。运用航班同乘人员数据获取信息速度快、信息准确性高,但若供排查的数据中无效数据占比过高反而可能降低排查效率,因此需根据防控目标谨慎评估数据计算规则的风险和收益,并与传统流调相结合合理使用,以真正提高新冠病毒感染密接追踪的速度和有效性。

**利益冲突** 所有作者声明无利益冲突

**作者贡献声明** 李丹:数据收集和整理、统计分析、论文撰写;秦颖:数据收集、研究指导、论文修改、审阅文章;范思萌:数据整理;彭质斌、常昭瑞、郑建东、于石成:审阅文章、论文修改;葛辉、张睿、王晖:数据收集、审阅文章;杨孝坤、赵宏婷:论文修改,英文校对;严俊、李中杰:研究设计与指导、审阅文章

## 参 考 文 献

- [1] Emrani J, Ahmed M, Jeffers-Francis L, et al. SARS-CoV-2, infection, transmission, transcription, translation, proteins, and treatment: a review[J]. *Int J Biol Macromol*, 2021, 193: 1249-1273. DOI: 10.1016/j.ijbiomac. 2021. 10.172.
- [2] Hu MG, Wang JF, Lin H, et al. Risk of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) transmission among air passengers in China[J]. *Clin Infect Dis*, 2022, 75(1):e234-240. DOI:10.1093/cid/ciab836.
- [3] Li ZJ, Chen QL, Feng LZ, et al. Active case finding with case management: the key to tackling the COVID-19 pandemic [J]. *Lancet*, 2020, 396(10243): 63-70. DOI: 10.1016/ s0140-6736(20)31278-2.
- [4] Hu PP, Ma MM, Jing QL, et al. Retrospective study identifies infection related risk factors in close contacts during COVID-19 epidemic[J]. *Int J Infect Dis*, 2021, 103: 395-401. DOI:10.1016/j.ijid.2020.12.011.
- [5] Li YX, Tan J, Tan SY, et al. Infection rate and factors affecting close contacts of COVID-19 cases: a systematic review[J]. *J Evid Based Med*, 2022, 15(4): 385-397. DOI: 10.1111/jebm.12508.
- [6] Ng OT, Marimuthu K, Koh V, et al. SARS-CoV-2 seroprevalence and transmission risk factors among high-risk close contacts: a retrospective cohort study[J]. *Lancet Infect Dis*, 2021, 21(3): 333-343. DOI: 10.1016/ s1473-3099(20)30833-1.
- [7] Dhama K, Nainu F, Frediansyah A, et al. Global emerging Omicron variant of SARS-CoV-2: impacts, challenges and strategies[J]. *J Infect Public Health*, 2023, 16(1):4-14. DOI: 10.1016/j.jiph.2022.11.024.
- [8] Araf Y, Akter F, Tang YD, et al. Omicron variant of SARS-CoV-2: genomics, transmissibility, and responses to current COVID-19 vaccines[J]. *J Med Virol*, 2022, 94(5): 1825-1832. DOI:10.1002/jmv.27588.
- [9] China.org.cn. China to manage COVID-19 with measures against Class B infectious diseases[EB/OL]. (2022-12-27) [2023-02-16]. [http://www.china.org.cn/china/2022-12/27/content\\_85027920.htm](http://www.china.org.cn/china/2022-12/27/content_85027920.htm).
- [10] Lau H, Khosrawipour V, Kocbach P, et al. The association between international and domestic air traffic and the coronavirus (COVID-19) outbreak[J]. *J Microbiol Immunol Infect*, 2020, 53(3): 467-472. DOI: 10.1016/j.jmii. 2020. 03.026.
- [11] 王辉,张成云,陈俊华,等.四川省新冠肺炎密切接触者跨省协查情况分析[J]. *中国公共卫生*, 2020, 36(11): 1579-1581. DOI:10.11847/zgggws1129585. Wang H, Zhang CY, Chen JH, et al. Characteristics of trans-provincial close contacts of patients with coronavirus disease 2019 in Sichuan province[J]. *Chin J Public Health*, 2020, 36(11): 1579-1581. DOI: 10.11847/zgggws1129585.
- [12] Luo L, Liu D, Liao XL, et al. Contact settings and risk for transmission in 3 410 close contacts of patients with COVID-19 in Guangzhou, China: a prospective cohort study [J]. *Ann Intern Med*, 2020, 173(11): 879-887. DOI: 10. 7326/m20-2671.
- [13] Martínez-Baz I, Trobajo-Sanmartín C, Burgui C, et al. Transmission of SARS-CoV-2 infection and risk factors in a cohort of close contacts[J]. *Postgrad Med*, 2022, 134(2): 230-238. DOI:10.1080/00325481.2022.2037360.
- [14] Ge Y, Martinez L, Sun SZ, et al. COVID-19 Transmission dynamics among close contacts of index patients with COVID-19: a population-based cohort study in Zhejiang Province, China[J]. *JAMA Intern Med*, 2021, 181(10): 1343-1350. DOI:10.1001/jamainternmed.2021.4686.
- [15] Du ZW, Liu CF, Wang L, et al. Shorter serial intervals and incubation periods in SARS-CoV-2 variants than the SARS-CoV-2 ancestral strain[J]. *J Travel Med*, 2022, 29(6): taac052. DOI:10.1093/jtm/taac052.
- [16] Kang M, Xin HL, Yuan J, et al. Transmission dynamics and epidemiological characteristics of SARS-CoV-2 Delta variant infections in Guangdong, China, May to June 2021[J]. *Euro Surveill*, 2022, 27(10): 2100815. DOI:

10.2807/1560-7917.Es.2022.27.10.2100815.

[17] Wu Y, Kang LY, Guo ZR, et al. Incubation period of COVID-19 caused by unique SARS-CoV-2 strains: a systematic review and meta-analysis[J]. JAMA Netw Open, 2022, 5(8): e2228008. DOI: 10.1001/jamanetworkopen.2022.28008.

[18] Ma XW, Wu KY, Li YG, et al. Contact tracing period and epidemiological characteristics of an outbreak of the SARS-CoV-2 Delta variant in Guangzhou[J]. Int J Infect Dis, 2022, 117:18-23. DOI:10.1016/j.ijid.2022.01.034.

[19] Xin HL, Wang Z, Feng S, et al. Transmission dynamics of SARS-CoV-2 Omicron variant infections in Hangzhou, Zhejiang, China, January-February 2022[J]. Int J Infect Dis, 2023, 126:132-135. DOI:10.1016/j.ijid.2022.10.033.

[20] Huang HI, Tai MC, Wu KB, et al. Measles transmission at an international airport - Taiwan, March-April 2018[J]. Int J Infect Dis, 2019, 86: 188-190. DOI: 10.1016/j.ijid.2019.07.038.

[21] World Health Organization. Contact tracing in the context of COVID-19: interim guidance, 1 February 2021[R]. Geneva:World Health Organization, 2021.

[22] European Centre for Disease Prevention and Control. Contact tracing in the European Union: public health management of persons, including healthcare workers, who have had contact with COVID-19 cases—fourth update [EB/OL]. (2021-10-28) [2023-02-09]. <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19-contact-tracing-public-health-management>.

[23] Government of Canada. Public health management of cases and contacts associated with COVID-19[EB/OL]. (2021-12-24) [2023-02-09]. [https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/2019-novel-coronavirus-](https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/2019-novel-coronavirus-infection/health-professionals/interim-guidance-cases-contacts.html#a3.1)

[24] Ngeh S, Vogt F, Sikazwe CT, et al. Travel-associated SARS-CoV-2 transmission documented with whole genome sequencing following a long-haul international flight[J]. J Travel Med, 2022, 29(6):taac057. DOI:10.1093/jtm/taac057.

[25] Rafferty AC, Bofkin K, Hughes W, et al. Does 2×2 airplane passenger contact tracing for infectious respiratory pathogens work? A systematic review of the evidence[J]. PLoS One, 2023, 18(2):e0264294. DOI:10.1371/journal.pone.0264294.

[26] European Centre for Disease Prevention and Control. Contact tracing: public health management of persons, including healthcare workers, who have had contact with COVID-19 cases in the European Union—third update[EB/OL]. (2020-11-18) [2023-02-09]. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/covid-19-contact-tracing-public-health-management-third-update.pdf>.

[27] 中华人民共和国国家卫生健康委员会. 新型冠状病毒肺炎防控方案(第八版)[EB/OL]. (2021-05-11) [2023-02-09]. <http://www.nhc.gov.cn/jkj/s3577/202105/6f1e8ec6c4a540d99fafef52fc86d0f8.shtml>.

[28] 中华人民共和国国家卫生健康委员会. 新型冠状病毒肺炎防控方案(第七版)[EB/OL]. (2020-09-11) [2023-03-14]. <http://www.nhc.gov.cn/jkj/s3577/202009/318683cbfaee4191aee29cd774b19d8d.shtml>.

[29] Kretzschmar ME, Rozhnova G, Bootsma MCJ, et al. Impact of delays on effectiveness of contact tracing strategies for COVID-19: a modelling study[J]. Lancet Public Health, 2020, 5(8): e452-459. DOI: 10.1016/s2468-2667(20)30157-2.

## 中华预防医学会流行病学分会第八届委员会组成人员名单

(按姓氏笔画排序)

顾问	刘天锡	汪 华	陆 林	姜庆五	贺 雄				
名誉主任委员	李立明								
主任委员	詹思延								
副主任委员	叶冬青	冯子健	何 纳	何 耀	沈洪兵	胡永华			
常务委员	王 岚	王子军	王全意	王素萍	代 敏	吕 筠	朱凤才	江 宇	
	许国章	李立明	李亚斐	杨晓明	杨维中	吴 凡	吴先萍	汪 宁	
	张建中	陈 坤	赵根明	胡志斌	段广才	俞 敏	施小明	唐金陵	
	曹务春	谭红专							
委 员	丁淑军	么鸿雁	王 蓓	王建明	毛 琛	仇小强	方向华	田文静	
	白亚娜	吕 繁	庄贵华	刘 玮	刘运喜	刘雅文	刘殿武	许汴利	
	孙业桓	苏 虹	李 琦	李文庆	李石柱	李佳圆	杨西林	杨敬源	
	吴尊友	吴寰宇	邱洪斌	余宏杰	张 本	张 军	张卫东	张毓洪	
	陈可欣	陈维清	邵中军	欧剑鸣	周宝森	官旭华	孟 蕾	项永兵	
	赵亚双	胡东生	施 榕	姜 勇	姜 晶	袁 萍	贾存显	贾崇奇	
	高立冬	郭卫东	郭秀花	曹广文	梁 娴	寇长贵	彭 霞	韩秀敏	
	程锦泉	程慧健	曾小云	雷立健	蔡建芳	缪小平	潘 安	戴江红	
	魏文强								
秘书长	王 岚								
秘 书	余灿清	李银鸽							