

· 新型冠状病毒感染 · 评价与分析 ·

重庆市新型冠状病毒感染疫情流行病学特征
及其参数与防控措施评估(2020 年)罗庆¹ 龙江² 熊宇² 王开发¹¹西南大学数学与统计学院, 重庆 400715; ²重庆市疾病预防控制中心传染病预防控制所, 重庆 400042

通信作者: 龙江, Email: 68803648@163.com

【摘要】目的 了解重庆市 2020 年度 SARS-CoV-2 感染者流行病学特征, 并估计该阶段疫情传播的重要流行病学参数, 探究防控措施对新发流行病传播的影响。**方法** 回顾性收集重庆市卫生健康委员会和重庆市疾病预防控制中心 2020 年重庆市 SARS-CoV-2 感染者的数据, 采用描述性统计分析方法, 对疾病进行流行病学特征分析, 构造似然函数, 并根据 Akaike 信息准则估计了潜伏期的最优概率分布。最后基于极大似然思想和贝叶斯框架对基本再生数、有效再生数进行了估计。**结果** 重庆市于 2020 年 1 月 1 日出现首例病例, 发病高峰在 1 月 24—26 日, 2 月 21 日之后无新发病例。渝东北片区地区发病率最高 (3.28/10 万)。发病人群男女性别比为 1.10:1, 总体发病率男性 (1.86/10 万) 稍高于女性 (1.73/10 万)。确诊病例中占比最多的年龄组为 45~50 岁 (91 例, 91/576), 其次是 50~55 岁 (71 例, 71/576)。潜伏期的最优概率分布为伽马分布, 估计均值为 7.22 d。重庆市 COVID-19 疫情初始阶段的基本再生数估计为 2.68 (2.04, 3.44), 有效再生数的变化趋势与防控策略的实施密切相关。**结论** 重庆市 2020 年 1—2 月全市 COVID-19 流行曲线呈起病急、收尾快的特点。尽管疫情具有较强的传播性, 但定量和定性分析均表明政府采取防控措施及时有效, 为将来新发突发传染病防控积累了经验。

【关键词】 新型冠状病毒感染; 潜伏期; 基本再生数; 有效再生数; 防控措施**基金项目:** 重庆市卫生健康委应急科研项目 (2023NCPZX03)

DOI: 10.3760/cma.j.cn331340-20230819-00019

Epidemiological characteristics of COVID-19 in Chongqing and its parameter estimation and evaluation of prevention and control measures (2020)Luo Qing¹, Long Jiang², Xiong Yu², Wang Kaifa¹¹School of Mathematics and Statistics, Southwest University, Chongqing 400715, China; ²Institute of Infectious Disease Prevention and Control, Chongqing Municipal Center for Disease Control and Prevention, Chongqing 400042, China

Corresponding author: Long Jiang, Email: 68803648@163.com

【Abstract】Objective To understand the epidemiological characteristics of COVID-19 cases in Chongqing in 2020, and to estimate the important epidemiological parameters of epidemic transmission at that stage, so as to explore the impact of prevention and control measures on the spread of emerging epidemics. **Methods** Based on the retrospective data of COVID-19 cases in Chongqing in 2020 from Chongqing Municipal Health Commission and Chongqing Municipal Center for Disease Control and Prevention, descriptive statistical analysis method was used to analyze the epidemiological characteristics of the disease. Then, the likelihood function was constructed and the optimal probability distribution of the incubation period was estimated according to the Akaike information criterion. The basic reproduction number and effective reproduction number were estimated based on the maximum likelihood principle and Bayesian framework. **Results** The first case of COVID-19 in Chongqing appeared on January 1, 2020, with the peak of infection from January 24 to January 26. After February 21, no new cases were reported. The highest incidence rate was observed in the northeastern region of Chongqing (3.28 per 100 000). The male-to-female ratio was 1.10:1. The overall incidence rate among males (1.86 per 100 000) was slightly higher than that among females (1.73 per 100 000). The age group with the highest proportion of confirmed cases was 45-50 years old (91 cases, 91/576),

followed by the 50-55 age group (71 cases, 71/576). The optimal probability distribution in the incubation period was gamma distribution, with an estimated average of 7.22 days. The estimated basic reproduction number in the early stage of COVID-19 epidemic in Chongqing was 2.68 (2.04, 3.44), and the trend of effective reproduction number was closely related to the implementation of prevention and control strategies. **Conclusions** The COVID-19 epidemic in Chongqing from January to February 2020 exhibited a rapid onset and quick decline. Despite its high transmissibility, both quantitative and qualitative analyses indicate that the government's timely and effective implementation of prevention and control measures has accumulated experience for new outbreaks of infectious diseases in the future.

[Key words] COVID-19; Incubation period; Basic reproductive number; Effective reproductive number; Preventive and control measures

Fund program: Emergency Research Program of Chongqing Municipal Health Commission (2023NCPZX03)

DOI:10.3760/cma.j.cn331340-20230819-00019

重庆市于 2020 年 1 月 21 日确诊首例本地 COVID-19 病例,并于 1 月 24 日启动重大突发公共卫生事件一级响应。截至 2020 年 12 月 31 日,重庆市共报告本土确诊病例 576 例,无症状感染者 161 例。本文主要基于重庆市 2020 年度 SARS-CoV-2 感染者回顾性阶段数据,研究新发现的 SARS-CoV-2 传播特点,分析其流行病学特征,并从定量和定性分析相结合的角度对重庆市应对 COVID-19 疫情的防控策略效果进行评估分析。

资料与方法

一、数据来源

收集重庆市卫生健康委员会和重庆市疾病预防控制中心等机构关于 2020 年度 SARS-CoV-2 感染者的数据,包括病例的人口学特征、疾病严重程度、是否有市外旅居史、接触病源时间、出现症状时间、确诊时间、隔离及住院时间、治愈或死亡时间,并对所有数据进行整理汇总。

二、研究方法

采用描述性流行病学研究方法,基于上述收集到的重庆市 2020 年度 COVID-19 疫情防控阶段性完整数据进行分析。根据病例的发病时间构建流行曲线,并叠加与传染病识别和重庆市防控措施相关的关键日期加以解释。同时根据确诊病例的县/区级位置,描述病例的空间分布特点。根据确诊病例的年龄、性别信息绘制性别及年龄分布图,描述病例的人群分布特征。

三、重要流行病学参数估计

潜伏期是指病例从感染到开始出现临床表现为止的时间间隔。基于收集到的病例时序数据,选择极大似然估计方法,假设其概率分布分别为伽马分布、威布尔分布或对数正态分布,构造似然函数,然后基于 Akaike 信息准则(AIC),选择 AIC 值最小的模型作为最优模型,以此实现潜伏期概率分布的估计。

基本再生数 R_0 表示在一个全易感人群中,引入一个感染病例,该病例在其平均患病期间所传染的人数期望。本文采用 White 和 Pagano^[1]所提出的方法框架来估计基本再生数 R_0 ,其中世代间隔分布的获得是其估算 R_0 的关键步骤。世代间隔分布需要通过有明确传播关系的病例进行分析获取,本文引用中国 CDC 团队在武汉疫情暴发初期 425 例确诊病例为研究对象^[2],对其接触史、发病时间进行统计分析,在指数增长阶段估计了疫情世代间隔分布符合一个参数均值为 7.5,标准偏差为 3.4 的伽马分布。由于 R_0 估计的是疫情暴发初期的传染力,为精准估计重庆市 2020 年新发 COVID-19 疫情的 R_0 值,根据前述描述性统计分析得到的流行曲线,本文选择 1 月 1—24 日的每日确诊病例数据来估计 R_0 。

有效再生数表示在 t 时刻确诊的一个感染者在其感染期内能够导致的二代病例数期望,也称实时再生数或者瞬时再生数,通常用 R_t 表示。本文依据 Cori 等^[3]与 Thompson 等^[4]提出的方法对有效再生数进行估计,其基本原理如下:对于传染病的传播,采用泊松分布来拟合其感染过程,并基于贝叶斯框架

对 R_t 进行计算。

四、统计学方法

所有数据采用 Excel2019 软件录入, 使用 R4.0.3 软件对数据进行处理、分析以及相关图形的绘制, 其中 R_0 的计算采用“ R_0 ”软件包进行估计^[5], R_t 的计算采用“EpiEstim”软件包^[6]。

结 果

一、流行病学特征

1. 时间分布

根据病例的发病时间构建流行曲线, 并叠加与传染病识别和重庆市防控措施相关的关键日期加以解释。图 1 显示, 重庆市确诊病例最早发病时间为 2020 年 1 月 1 日, 其确诊时间为 1 月 21 日。疫情早期, 由于 1 月 1 日输入病例的传播扩散, 1 月 1—14 日本地病例数逐渐增加; 随后, 重庆市输入病例持续上升, 叠加春节临近的走亲访友、群众性集会增加, 本地病例发病数迅速上升, 至 1 月 26 日达到发病高峰, 且以本地病例为主; 1 月 30 日至 2 月 5 日, 每日发病数呈急剧减少趋势, 从 33 例迅速减少到 6 例; 此后疫情进入下降平台期, 2 月 6—11 日重庆市发病相对平稳, 每日发病数在 11~16 例之间; 2 月 12 日起发病数再次下降, 之后每日发病数在 7 例以下, 2 月 21 日之后无新发病例。

根据部署, 重庆市卫生健康委于 2020 年 1 月

20 日成立了疫情防控工作小组, 及时制定了相关工作预案。1 月 21 日, 首例病例确诊后, 于 1 月 24 日依照《重庆市突发公共卫生事件专项应急预案》, 启动了重大突发公共卫生事件一级响应, 全面开展 COVID-19 疫情社区排查防控工作。1 月 27 日起, 暂停全市范围道路运输服务, 对人口流动进行了更严格控制, 此后输入病例数开始下降、本地病例数慢慢上升; 1 月 30 日开展第二轮社区全覆盖排查, 每日发病数急剧减少, 这表明严格的人员流动控制在疫情防控上具有良好效果。自 2 月 7 日开始, 进一步加强密切接触者管理, 每日发病数逐渐减少且相对平稳。2 月 10 日后, 引导企业分批次复工, 与此同时加强重点人群防控管理, 并于 2 月 19 日实施分区分级分类防控, 发病数再次下降。

2. 地区分布

除南川区、北碚区外, 重庆市其余 37 个区县均出现了 SARS-CoV-2 感染者。其中, 发病率居前 3 位的分别为万州区 (7.54/10 万)、石柱县 (3.86/10 万) 和巫溪县 (3.60/10 万)。从片区划分来看, 渝东北片区, 不仅与湖北省接壤, 而且居民数较多, 因此确诊病例数最多, 发病情况最为严重, 发病率最高 (3.28/10 万); 其次为人口总数最多的主城片区, 发病率居第 2 位 (1.63/10 万); 再次为人员流动较为频繁的渝西片区, 发病率居第 3 位 (1.33/10 万); 最后为渝东南片区, 虽然也与湖北省相邻, 但人数较少, 发病情

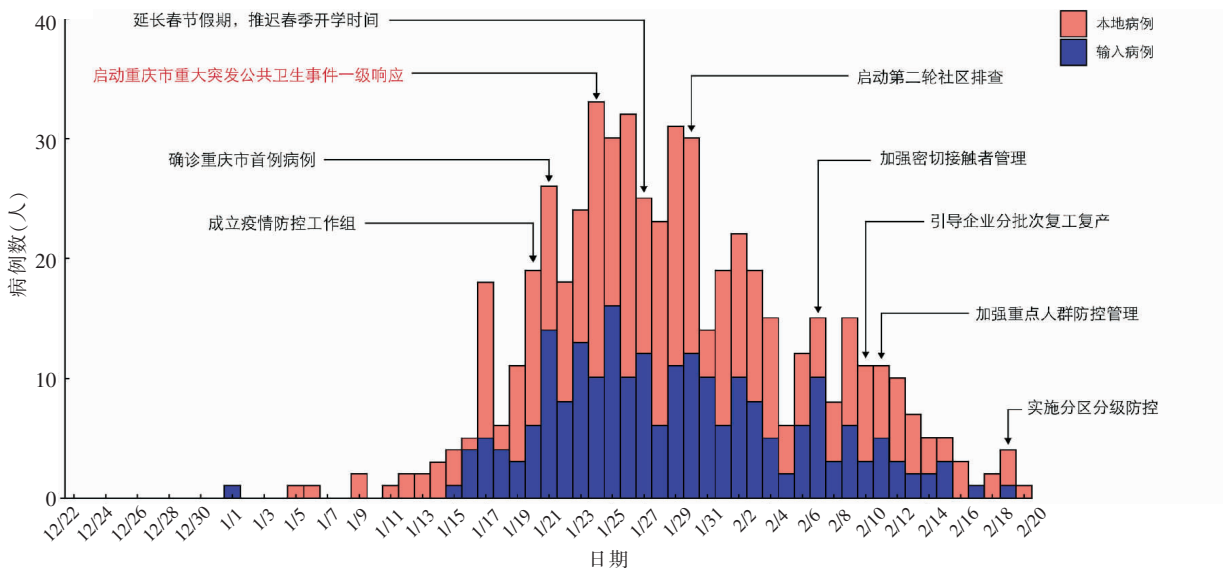


图 1 重庆市 2020 年 1—2 月 COVID-19 流行曲线及对应的重要防控措施

况较轻,发病率最低(0.91/10 万)。4 个片区确诊病例中均以本地病例为主,由多到少依次是渝西片区(66.38%,77/116)、主城区(65.28%,94/144)、渝东南片区(57.14%,12/21)和渝东北片区(51.72%,15/29)。

3. 人群分布

从性别维度看,男性 302 例,女性 274 例,性别比为 1.10:1,男性发病率为 1.86/10 万,女性发病率为 1.73 /10 万,总体发病率男性稍高于女性。从年龄维度看,年龄最小的为 7 月龄,最大的为 89 岁,发病人群以中年为主,儿童和老人发病数较少,其中确诊病例中占比最多的年龄组为 45~50 岁,共 91 例,占比 15.80%(91/576),其次是 50~55 岁,共 71 例,占比 12.33%(71/576)。

二、重要流行病学参数估计

1. 潜伏期

根据上述定义,在收集到的数据中进行筛查选择,共发现 377 例病例数据符合,其中包括 168 例男性,209 例女性,选取所有有效数据对整体病例的潜伏期进行估计。同时,以性别为分层变量,分别估计男性和女性病例的潜伏期。得到的 3 种分布下拟合模型的 AIC 值见表 1,其中最优拟合概率分布的相关参数估计值见表 2。

表 1 不同分布假设下潜伏期拟合模型 AIC 值 (最优模型加粗显示)

| 病例类别 | 伽马分布 | 威布尔分布 | 对数正态分布 |
|------|-----------------|---------------|----------|
| 所有 | 1 999.77 | 2 000.00 | 2 029.44 |
| 男性 | 879.30 | 878.62 | 891.44 |
| 女性 | 1 123.53 | 1 123.85 | 1 141.29 |

表 2 潜伏期最优拟合概率分布及相关参数估计值

| 病例类别 | 分布 | $\bar{x}(95\%CI)$ | s | 参数 | |
|------|-----|-------------------|------|------------------------------|---------------------------------|
| | | | | 参数 1 $\alpha/\lambda/\mu$ | 参数 2 $\beta/\kappa/\sigma^2$ |
| 所有 | 伽马 | 7.22(6.15,8.01) | 3.83 | 3.56 | 0.50 |
| 男性 | 威布尔 | 6.91(6.90,7.00) | 3.55 | 7.86 | 2.14 |
| 女性 | 伽马 | 7.36(5.94,8.51) | 3.95 | 3.45 | 0.48 |

表 1 显示,根据 AIC 准则,整体来看,潜伏期的最优拟合分布为伽马分布,AIC 值为 1 999.77;对于男性病例来说,潜伏期的最优拟合分布为威布尔分布,AIC 值为 878.62;对于女性病例来说,潜伏期最优拟合分布仍为伽马分布,AIC 值为 1 123.53。

表 2 给出了不同观测样本下,潜伏期的最优拟合概率分布及其相关参数估计值。整体来看,全部病例潜伏期估计值为 7.22(6.15,8.01) d,其中,女性病例的潜伏期估计值为 7.36 d,男性病例的潜伏期估计值为 6.91 d。

2. 基本再生数

经估计,重庆市 COVID-19 初发阶段的 R_0 为 2.68(95%CI:2.04,3.44),这意味着在此阶段平均每例患者将传染 2.68 人,COVID-19 疫情处于快速暴发阶段。

3. 有效再生数

2020 年 1 月 12 日至 2020 年 2 月 20 日重庆市 COVID-19 疫情的有效再生数 R_t 的变化趋势如图 2 所示,其中黑色实线表示 R_t 的估计值,蓝色阴影表示其 95%CI。由图 2 可以看出,疫情刚开始时, R_t 值不大,为 1.33;随后出现波动性增高,1 月 17 日 R_t 值增加到 2.41;之后出现短暂下降,到 1 月 19 日降至 2.15;然后于 1 月 20 日 R_t 值升至峰值 2.57,此时重庆市成立了疫情防控工作组。随着防控措施的实施, R_t 值呈持续下降趋势,到 1 月 24 日 R_t 降至 1.93,但仍大于阈值 1,此时重庆市启动了重大突发公共卫生事件一级响应。在 1 月 30 日启动第二轮社区排查后,2 月 1 日 R_t 降至 0.89,首次低于阈值 1。2 月 7 日进一步加强密切接触者管理后,2 月 9 日 R_t 进一步降至 0.49。因此,2 月 10 日开始,重庆市引导企业分批次复工复产。

讨 论

通过对重庆市 2020 年度 COVID-19 疫情防控阶段性完整数据分析发现,重庆市于 2020 年 1 月 1 日出现首例病例,发病高峰在 1 月 24—26 日,与全国发病高峰开始时间相同(1 月 24—28 日)^[6]。整体上看,重庆市采取的防控措施对疫情防控效果十分明显,2020 年 1—2 月全市 COVID-19 流行曲线呈起病急、收尾快的特点。

本文估计出的 COVID-19 整体潜伏期最优概率分布为伽马分布,为 7.22 d。根据潜伏期的估计均值,我们发现国家防控政策中所规定的 14 d 隔离期

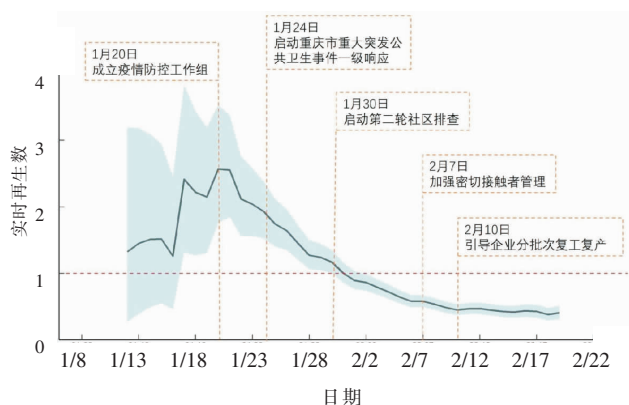


图2 重庆市2020年1—2月新型冠状病毒感染有效再生数

基本为2个潜伏期时长。因此,绝大多数的病例在隔离期中都会表现出相应的临床症状,或是在核酸检测报告中呈阳性,从而可以在最短时间内对病例采取隔离措施,防止疫情大规模扩散。

经估计,重庆市疫情初期的基本再生数 R_0 为2.68。和武汉市的2.20^[2]相比,说明2020年初重庆市疫情正处于快速暴发阶段,疫情防控压力较大。

重庆市 COVID-19 疫情的有效再生数 R_t 的变化趋势与防控策略的实施密切相关。2020年1月20日, R_t 值最大,为2.57,此时重庆市及时成立了疫情防控工作小组,制定了相关工作预案。1月21日,首例病例确诊后,于1月24日实施了重大突发公共卫生事件一级响应,全面开展社区排查防控工作,此时 R_t 值为1.93,首次降至2以下。1月27日起,暂停全市范围道路运输服务, R_t 值持续下降。1月30日开展第二轮社区全覆盖排查,至1月31日 R_t 值首次降至1.00,这表明严格的人员流动控制在疫情防控上效果良好。自2月7日开始,对所有小区实施封闭式管理,并进一步加强密切接触者管理,使得 R_t 值在较短时间内持续下降,说明重庆市的预防和控制工作取得了较好的效果。因此,在2月10日,政府开始引导企业分批次复工,与此同时加强重点人群防控管理,2月20日后,不再有新发病例。因此,面对新发突发流行病,尽早实施严格有效的防控政策仍然是阻止疾病大规模暴发的首选策略^[7]。

尽管本研究得到了重庆市2020年SARS-CoV-2感染者的流行病学特征以及相关重要参数的估计,

但仍存在一些值得今后进一步探讨的问题:(1)由于病例溯源难度大,本文采用的世代间隔分布是基于已发表文章的研究结果,可能会影响基本再生数、有效再生数的估计准确性。(2)基本再生数、有效再生数的估计方法很多,选择不同的方法、参数设置都可能会影响最终的估计结果。最近,Dai等^[8]提出了一种有效再生数和序列间隔联合估计的新方法,未来可考虑进行多种方法的比较分析,以保证结果的可靠性。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

作者贡献声明 罗庆:整理/分析数据、起草文章;龙江:课题设计、审核数据、数据解释、获取经费;熊宇:采集/整理数据;王开发:课题设计、审核数据、数据解释和指导写作

参 考 文 献

- [1] White LF, Pagano M. A likelihood-based method for real-time estimation of the serial interval and reproductive number of an epidemic[J]. *Stat Med*, 2008, 27(16): 2999-3016. DOI: 10.1002/sim.3136.
- [2] Li Q, Guan X, Wu P, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia[J]. *N Engl J Med*, 2020, 382(13): 1199-1207. DOI: 10.1056/NEJMoa2001316.
- [3] Cori A, Ferguson NM, Fraser C, et al. A new framework and software to estimate time-varying reproduction numbers during epidemics[J]. *Am J Epidemiol*, 2013, 178(9): 1505-1512. DOI: 10.1093/aje/kwt133.
- [4] Thompson RN, Stockwin JE, van Gaalen RD, et al. Improved inference of time-varying reproduction numbers during infectious disease outbreaks[J]. *Epidemics*, 2019, 29: 100356. DOI: 10.1016/j.epidem.2019.100356.
- [5] Obadia T, Haneef R, Boëlle PY. The R0 package: A toolbox to estimate reproduction numbers for epidemic outbreaks [J]. *BMC Med Inform Decis Mak*, 2012, 12:147. DOI: 10.1186/1472-6947-12-147.
- [6] 中国疾病预防控制中心新型冠状病毒肺炎应急响应机制流行病学组. 新型冠状病毒肺炎流行病学特征分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2020, 41(2): 145-151. DOI: 10.3760/ema.j.issn.0254-6450.2020.02.003.
- [7] 韩珂, 贾王平, 曹文哲, 等. 一线城市新型冠状病毒肺炎实时基本再生数估算及流行现状评估[J]. *解放军医学院学报*, 2020, 41(4): 421-425, 429. DOI: 10.3969/j.issn.2095-5227.2020.04.023.
- [8] Dai C, Zhou D, Gao B, et al. A new method for the joint estimation of instantaneous reproductive number and serial interval during epidemics[J]. *PLoS Comput Biol*, 2023, 19(3): e1011021. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1011021.

(收稿日期:2023-08-19)