



近期出版的《欧洲监控》(*Eurosurveillance*)发表了两篇论文预测(SARS-CoV-2)的早期人际传播(human-to-human transmission)模式及欧洲早期输入(early-stage importation)风险。

本期介绍 SARS-CoV-2 早期人际传播模式的论文。

2019年新型冠状病毒 (SARS-CoV-2) 的早期人际传播模式

2019年12月31日,世界卫生组织(WHO)收到有关中国武汉发生病因不明肺炎的病情报告。几天后中国当局鉴定其病原体为一种新型冠状病毒(SARS-CoV-2)。截至2020年1月29日,中国已确诊5,997例,其他地方也确诊了68例。根据在其他国家/地区发现的输出病例数,武汉的实际疫情数据估计要大得多。为了更好地了解 SARS-CoV-2 的早期传播模式,Riou和Althaus对与目前流行病学结果相一致的早期爆发轨迹进行了随机模拟。下面是他们的主要结果。

流行病学参数

决定病原体人际传播模式的有两个关键参数。首先是基本传染数(basic reproduction number, R_0),它是疾病爆发早期易感人群中由指标病例产生

继发病例的平均数量。如果 R_0 大于1,则会发生人与人之间的持续传播。其次是继发病例的分散性,它可以预测疾病暴发动态和发生超级传播的可能性。如果继发病例分散性(dispersion)很高,那么这些继发病例可能由少数病例传播,而大多病例不会传播病原体。尽管超级扩散很罕见,但它可能导致大规模的爆发性传播。相反,低分散性将导致该流行病数量稳定增长,每个指标病例的继发病例数具有更高的同质性,而这对疾病控制具有重要意义。

2019年新型冠状病毒的传播特点

要在2020年1月18日之前达到1,000至9,700感染病例,SARS-CoV-2的早期人际传播特征 R_0 值约为2.2(中位数,90%高密度区间:1.4–3.8)。这一时间点观察到的数据与散度参数 k 的大范围值(中位数:0.54,90%高密度区间:0.014–6.95)兼容,但是,我们的模拟表明不太可能出现极低的 k 值。这些估计值考虑了2020年1月18日感染病例总数的不确定性以及最初动物传人的日期和规模的不确定性。

与以往流行的呼吸道病毒比较

图1显示了在流行阶段最可能出现的 R_0 和 k 的组合。与中东呼吸综合征相关冠状病毒(MERS-CoV)的早期人际传播的估计值相比,SARS-CoV-2的 R_0 和

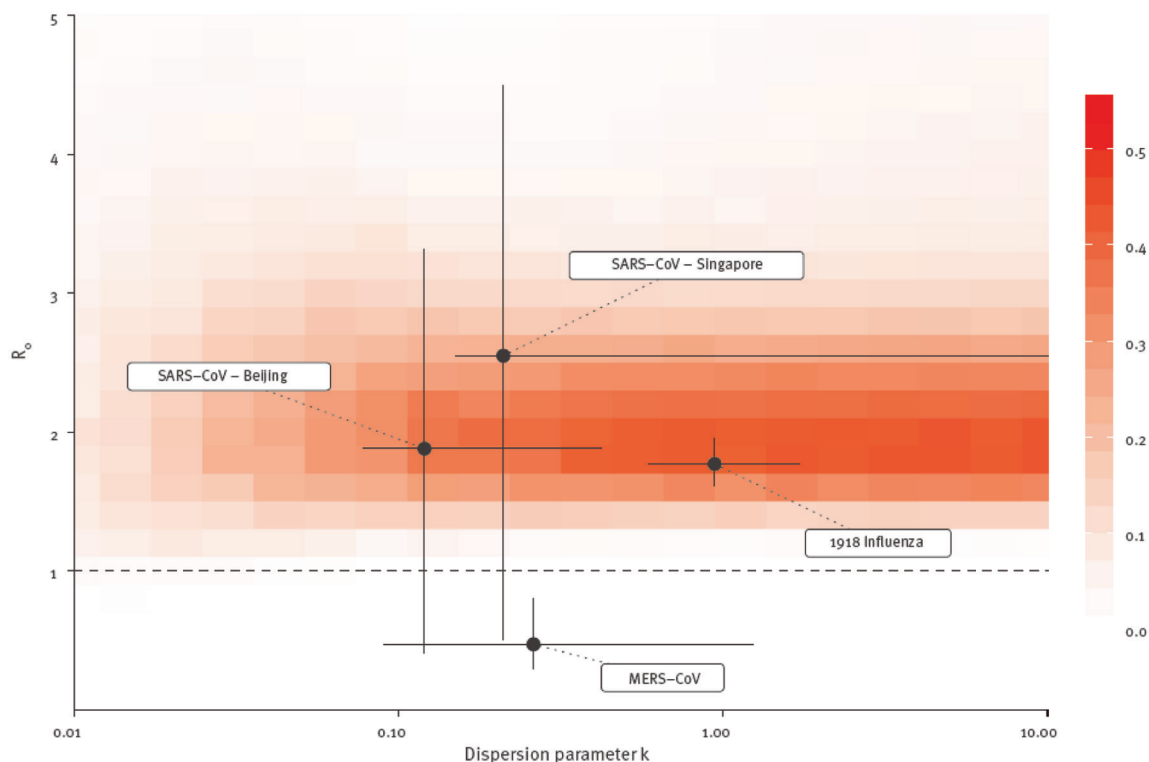


图1随机模拟到2020年1月18日感染总数在1,000到9,700之间的占比情况。

k 这些估计值与以前北京和新加坡 SARS-CoV 的早期人际传播的估计值更相似。MERS-CoV 的传播特点是在反复发生动物到人的传播后发生小型聚集传播，主要是发生在医院的超级传播。但是，MERS-CoV 不会发生多代人传人。而 SARS-CoV 在世界上持续传播了9个月，这是由于人与人之间出现持续不断的传播以及偶发的超级传播。SARS-CoV-2 可能遵循 SARS-

CoV 类似的传播路径，因此有可能会造成大流行。

参考文献

- [1] Riou J, Althaus C. Pattern of early human-to-human transmission of Wuhan 2019 novel coronavirus (2019-nCoV), December 2019 to January 2020. *Euro Surveill*, 2020;25(4). doi:10.2807/1560-7917.ES.2020.25.4.2000058.