



Kontakttil for virusvariant B.1.1.7

Ekspertgruppen d. 3. februar 2021

Kontakttil for hyppigste virusvarianter

Ekspertgruppen for matematisk modellering har estimeret kontakttillet for virusvariant B.1.1.7 ud fra sekvenserede prøver taget til og med d. 2021-01-25.

- Kontakttillet for virusvariant B.1.1.7 også benævnt 20I/501Y.V1 er estimeret til 1.14 (95% CI [1.04 ; 1.23])

Det skal bemærkes at kontakttillet i dette notat er beregnet ved en anden metode, end kontakttillet der opdateres på SSIs hjemmeside hver tirsdag kl. 14. Det er ikke muligt at anvende den normale beregningsmetode for kontakttillet for de forskellige virusvarianter. Se metodeafsnit for yderligere detaljer. Estimerer af kontakttil i dette notat er udtryk for den gennemsnitlige vækstrate for antal nye test positive hen over en periode på 14 dage og reflekterer således smitte ca. en uge før.

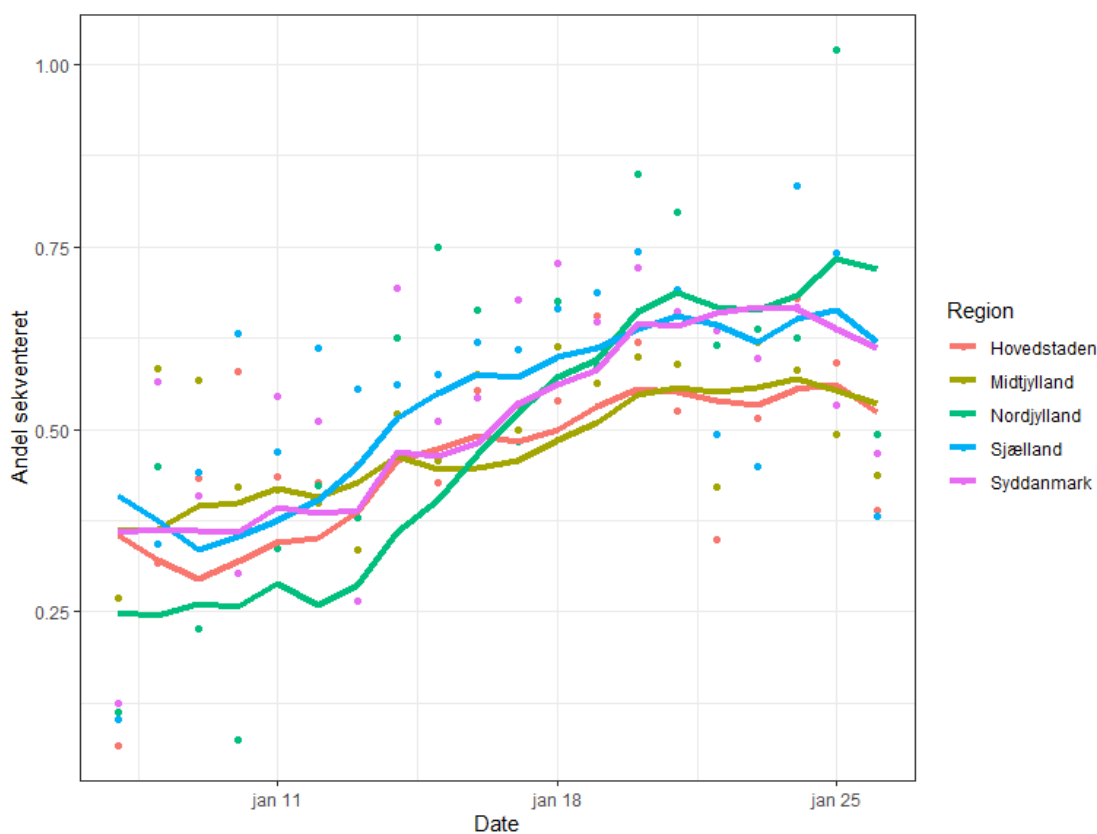
Estimeringen af kontakttillet for virusvariant B.1.1.7 er fortsat behæftet med usikkerheder grundet tilfældige variationer i lokal spredning (stokastiske fluktuationer). Derfor kan sikkerhedsintervallerne være for smalle.

Endvidere er der en forsinkelse, så det tager 4-5 dage fra en test er taget, til den er blevet sekvenseret. Data bliver derfor løbende justeret i takt med at der kommer flere sekvenseringsresultater.

Andel af positive prøver som sekvenseres

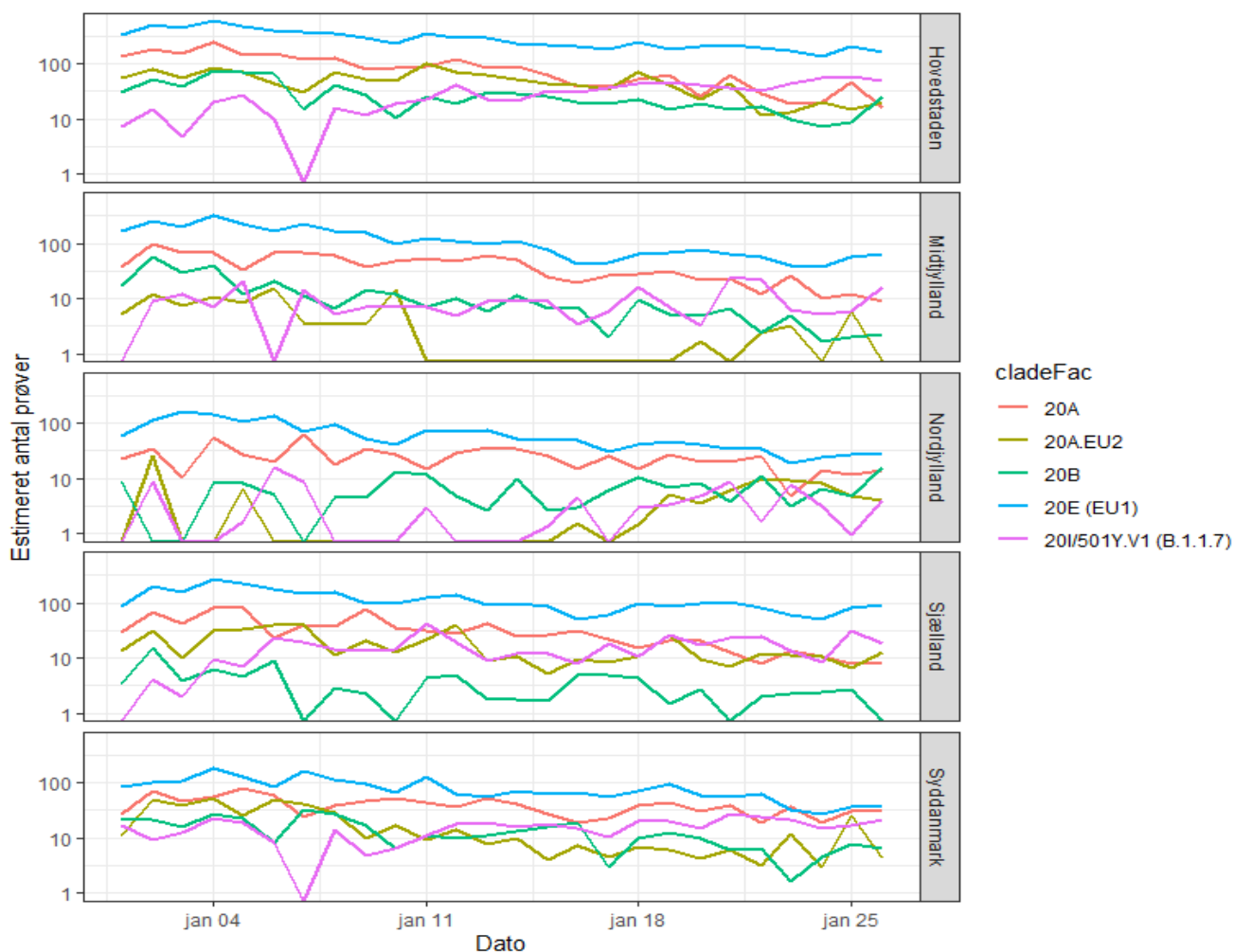
Statens Serum Institut forventer at sekvensere alle positive prøver for SARS-CoV-2 fra uge 2 med det formål at finde alle tilfælde af virusvariant B.1.1.7 og andre særlige virusvarianter blandt de testede personer. Det er imidlertid ikke alle prøver, hvor der er muligt at foretage en sekvensering. SSI vurderer, at op mod 70% af prøverne vil være af en kvalitet, hvor der kan foretages sekvensering.

Figur 1 viser udviklingen i andelen af positive prøver, hvor der foreligger et resultat af sekvenseringen. Der er ikke foretaget trunkering af data, så det forventes, at andelen de sidste dage i figuren vil stige efterhånden, som der kommer svar på flere prøver.



Figur 1: Udvikling i andel af positive prøver som sekvenseres per region. Prikkerne er for de enkelte dage, og stregerne er rullende 7 dages gennemsnit.

Figur 2 viser det estimerede antal daglige tilfælde for de virusvarianter, som forekommer i mindst 5% af de sekvenserede prøver. Estimatet er fundet ved at tage det observerede antal prøver og dividere med andelen af prøver, som er sekvenseret i den region den pågældende dag. Her er ikke korrigeret for antal test.

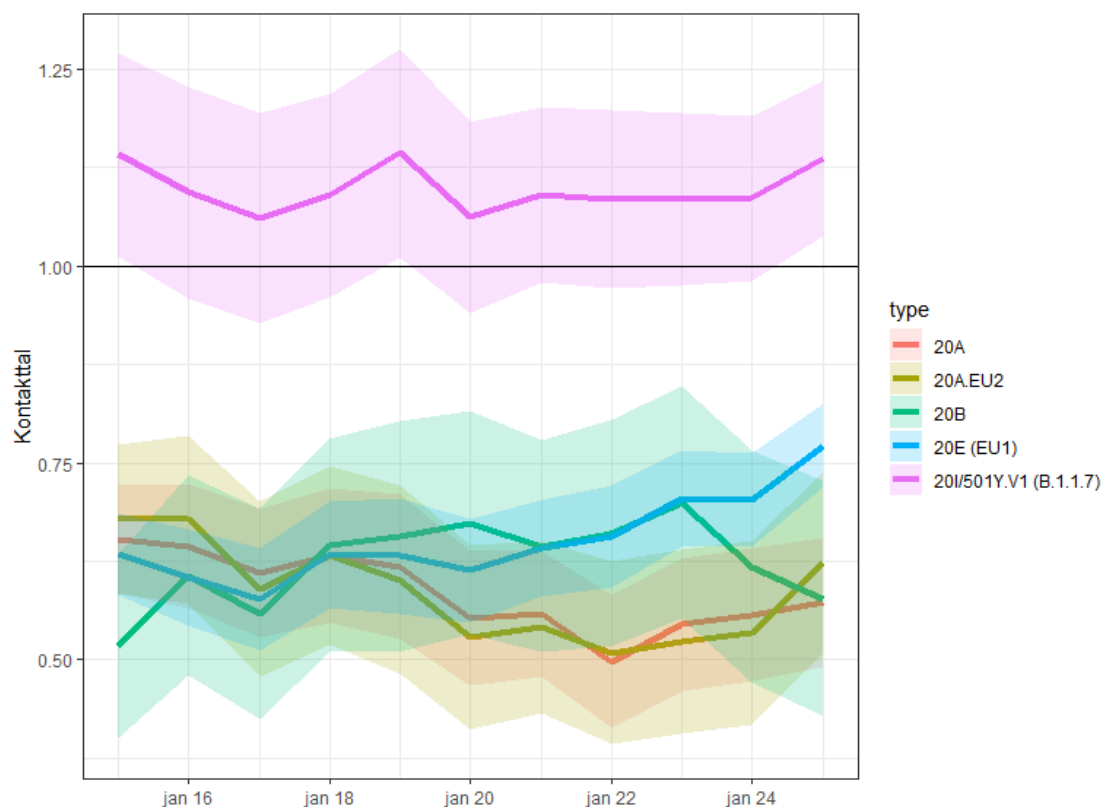


Figur 2: Udviklingen i det estimerede antal daglige tilfælde for hver af de hyppigst forekomne virusvarianter i Danmark.

Estimation af kontakttal med Poisson regression

I figur 3 vises udviklingen i kontakttallet for de hyppigste virusvarianter over tid. I Region Nordjylland er der flere dage, hvor der ikke er fundet sekvenser fra nogle af disse virusvarianter. Data fra Nordjylland er derfor ekstra påvirket af klynger, hvilket påvirker estimererne. Da fokus i dette notat er på, at bestemme vækstrater er det besluttet at basere estimererne på de fire regioner, hvor virusvarianterne findes hyppigere.

Daglige nye tilfælde af flere varianter er små, hvilket afspejler sig i bredden af det tilhørende konfidensinterval.



Figur 3: Udvikling i kontakttal inkl. 95% konfidensintervaller

Tabel 1: Estimer af kontakttal og 95% konfidensinterval for virusvariant B.1.1.7 og andre hyppige virusvarianter i de 14 dage op til d. 2021-01-25.

Type	Rt	2,5%	97,5%
20A	0.57	0.49	0.65
20A.EU2	0.62	0.51	0.74
20B	0.58	0.43	0.73
20E (EU1)	0.77	0.72	0.83
20I/501Y.V1 (B.1.1.7)	1.14	1.04	1.23



Metode

Beregning af kontakttal er lavet ved rullende poisson regressionser med beta korrektion som beskrevet i ekspertrapporten om [Incidens og fremskrivninger af covid-19](#):

$$P_t = I_t T_t^\beta$$

Hvor P_t er det forventede antal positive, I_t er et indeks for sygdomsudbredelsen i samfundet og T_t er antal test den givne dag. Her er der dog et ekstra element, da det kun er en andel af de positive prøver, som er sekventeret, og denne andel, S_t , ændrer sig meget fra dag til dag. Derfor benyttes:

$$P_t = I_t T_t^\beta S_t$$

I poisson regressions modellen ønskes $T_t^\beta S_t$ benyttet som reference. Da den naturlige logaritme bruges som link funktion tilføjes dette som et offset på $\beta \log(T_t) + \log(S_t)$.

Aktiviteten i samfundet ændrer sig løbende, hvilket giver autokorrelation i en regressionsmodel. Derfor benyttes funktionen `glmmTMB`, som gør det muligt at tilføje en såkaldt AR1 autokorrelationsstruktur i en generaliseret lineær model.

Region og virusvariant (clade) er medtaget som faktorer i modellen for at tillade forskellige niveauer af smitte i de enkelte regioner og forskellige vækstrater for de forskellige virusvarianter. Her præsenteres kun estimater vækstrater, som i modellen hidrører til interaktioner mellem variabelen dato og clade. Dette leder til følgende modelstruktur:

```
glmmTMB(Pt ~ Region*clade + Dato*clade + offset(beta * log(Tt) + log(St)) + ar1(Dato + 0 | Region), data = ...)
```

Det er valgt at beregne udviklingen over tid ved for hver dag fra 2021-01-15 til 2021-01-24 at fitte ovenstående model til data fra det 14 dages interval, som slutter den pågældende dag.

Modellen estimerer daglige vækstrater, r_t , som oversættes til kontakttal ved hjælp af $Rt = 1 + r_t 4.7$, hvor 4,7 dage er anvendt som generationstid.