

# Kontakttal for B.1.1.7 og andre hyppige virusvarianter

Ekspertgruppen for matematisk modellering af covid-19

2021-02-09

## Kontakttal for de hyppigste virusvarianter

Ekspertgruppen for matematisk modellering af covid-19 har estimeret kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 og en række andre hyppige virusvarianter ud fra sekvenser fra prøver taget til og med d. 1. februar 2021.

- Kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 er estimeret til 0.99 (95% sikkerhedsinterval [0.9 ; 1.07])
- Dette tyder på at B.1.1.7 aktuelt ikke er i vækst, hvilket kan skyldes en effekt af de gældende restriktioner d. 1. februar 2021 og den intensiverede kontaktopsporing.
- Kontakttallet for virusvariant 20B, som er en globalt udbredt variant, der ikke er klassificeret som en "variant of concern" er estimeret til at stige i den seneste periode. Stigningen skyldes imidlertid kun nogle få nye tilfælde af varianten i Region Sjælland, Bidraget fra kontakttallet for virusvariant 20B til det samlede kontakttal er således ubetydeligt.

Selvom det er positivt at kontakttallet nu ligger omkring 1 skal udviklingen tolkes med forsigtighed, da der kan være variation henover tid, og det er for tidligt at vurdere om der er tale om en stabil tendens.

Det skal bemærkes at kontakttal i dette notat er beregnet ved en anden metode, end kontakttallet der opdateres på SSI's hjemmeside hver tirsdag kl. 14. Det er ikke muligt at anvende den normale kontakttals beregningsmetode for de forskellige virusvarianter. Se metodeafsnit for yderligere detaljer.

Estimeringen af kontakttallet 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.

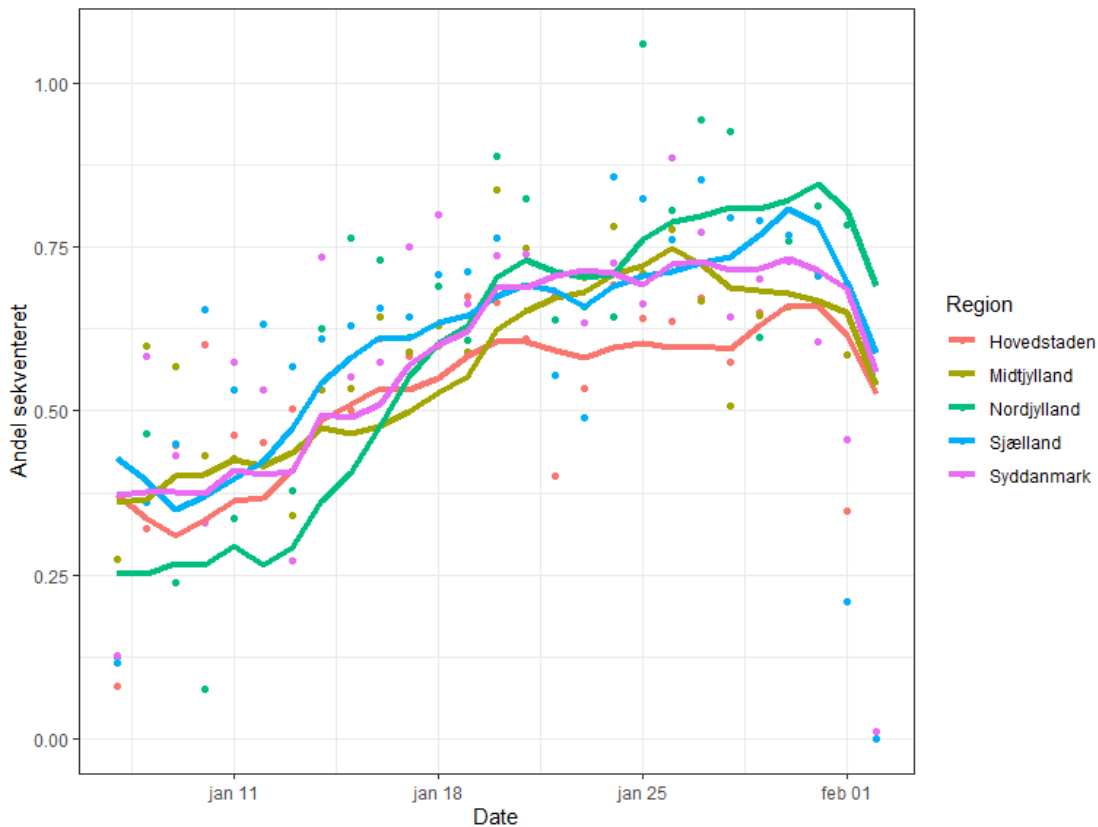
Endvidere er der en forsinkelse på 4-5 dage fra en test er taget til den er blevet sekvenseret. Data bliver derfor løbende justeret i takt med, at der kommer flere sekvenseringsresultater.

## Andel af positive prøver, som helgenomsekventeres

Statens Serum Institut arbejder i samarbejde med de Kliniske Mikrobiologiske afdelinger på at få sekvenseret flest mulige positive prøver for SARS-CoV-2 med det formål at finde flest mulige tilfælde af virusvariant B.1.1.7 og andre særlige virusvarianter blandt de testede personer. "Flest

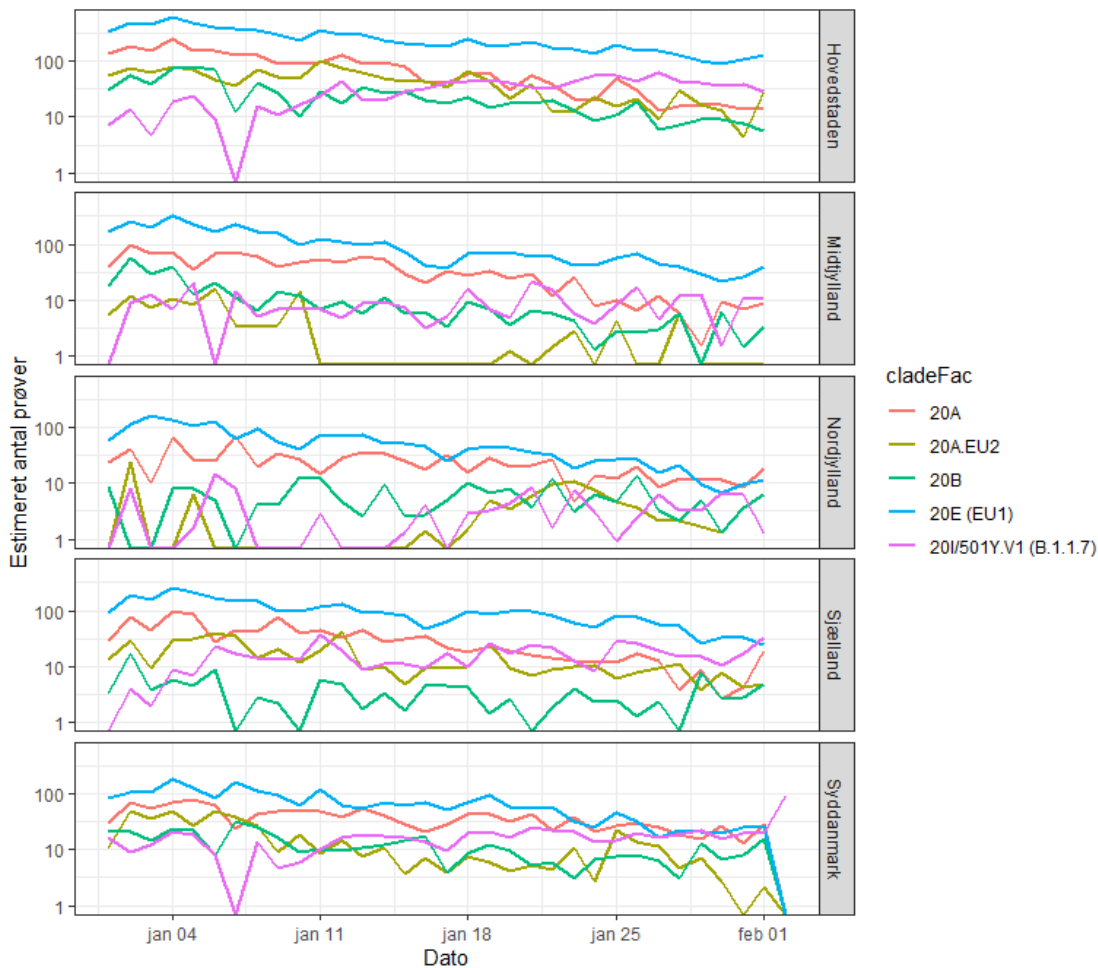
mulige" dækker over, at det ikke er alle prøver, hvor der er muligt at foretage en sekvensering. SSI vurderer, at op mod 70% af prøverne vil være af en kvalitet, hvor der kan foretages sekvensering.

Figur 1 viser udviklingen i andelen af PCR-positive prøver fra både sundheds- og samfundssporet, 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 forventede 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 forventet antal daglige tilfælde for hver af de hyppigst forekomne virusvarianter i Danmark.

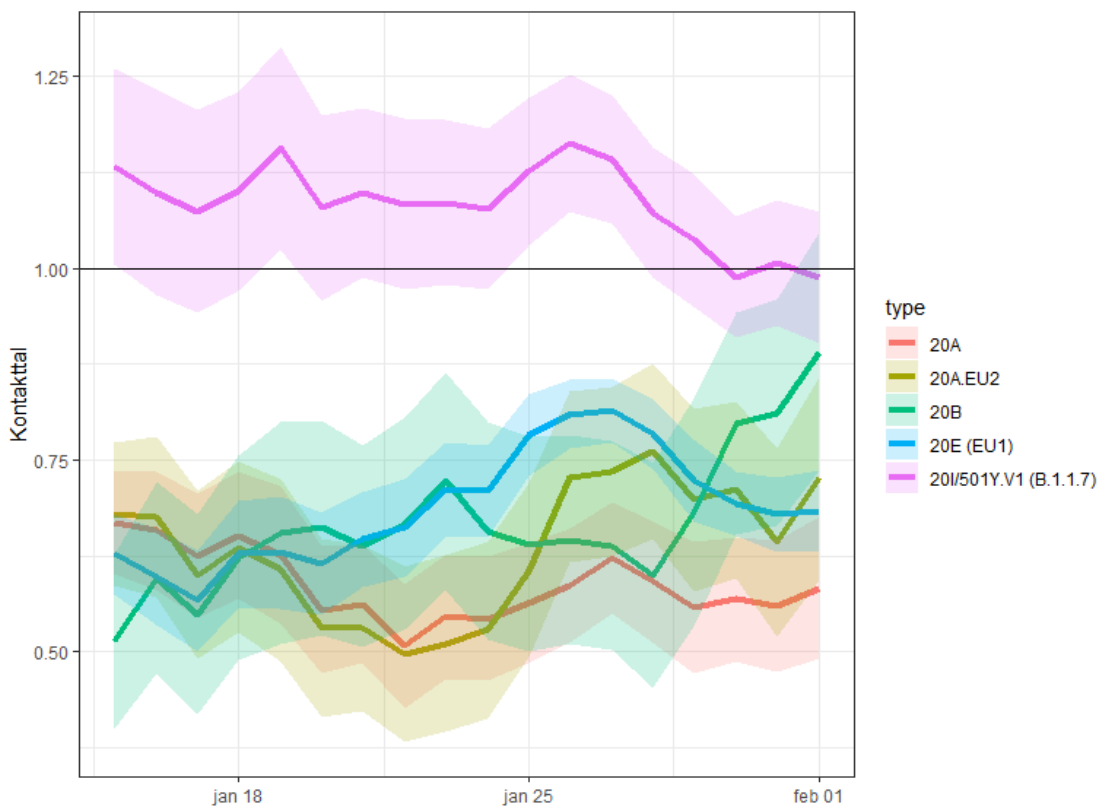
## Estimation af kontakttal med Poisson regression

I figur 3 vises udviklingen i kontakttallet for de hyppigste virusvarianter over tid. I Region Nordjylland er der flere dage, hvor der er fundet nul sekvenser af disse hyppigste virusvarianter. Derfor er data fra Nordjylland 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. Nullerne ses i figur 2 som dage, hvor antal prøver kommer under 1.

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

Det er vigtigt at pointere at kontakttallet for nye tilfælde er estimeret anderledes i dette notat, end kontakttallet der offentliggøres på SSIs hjemmeside hver tirsdag kl. 14. Dette skyldes at metoden,

som benyttes ved opdateringen hver tirsdag, ikke pt. har mulighed for at medtage, at der kigges på udvalgte virusvarianter.



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. 2021-02-01.

Type	Rt	2,5%	97,5%
20A	0.58	0.49	0.67
20A.EU2	0.73	0.59	0.86
20B	0.89	0.74	1.05
20E (EU1)	0.68	0.63	0.74
20I/501Y.V1 (B.1.1.7)	0.99	0.90	1.07

## Metode

Det er valgt at lave rullende poisson regressioner med beta korrektion som beskrevet i ekspertrapporten om [Incidens og fremskrivning af COVID-19 tilfælde](#)

$$P_t = I_t T_t^\beta$$

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 2021-02-01 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.