



d. 9. marts 2021

Kontakttil for virusvariant B.1.1.7

Ekspertgruppen for matematisk modellering af covid-19

Kontakttil for virusvariant B.1.1.7

Ekspertgruppen for matematisk modellering har estimeret kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 ud fra sekvenserede prøver taget til og med d. 28. februar 2021.

- Kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 er estimeret til 1.14 (95% CI [1.04 ; 1.24])
- Faldet i kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 følger faldet i det samlede kontakttal, som blev præsenteret i sidste uge (uge 9).
- Andelen af virusvariant B.1.1.7 blandt de sekvenserede prøver er fortsat væsentligt lavere i Region Nordjylland, men er steget betydeligt i den seneste uge

Det skal bemærkes, at kontakttallet i dette notat er beregnet ved en anden metode end det kontakttal, 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.

Estimering 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.

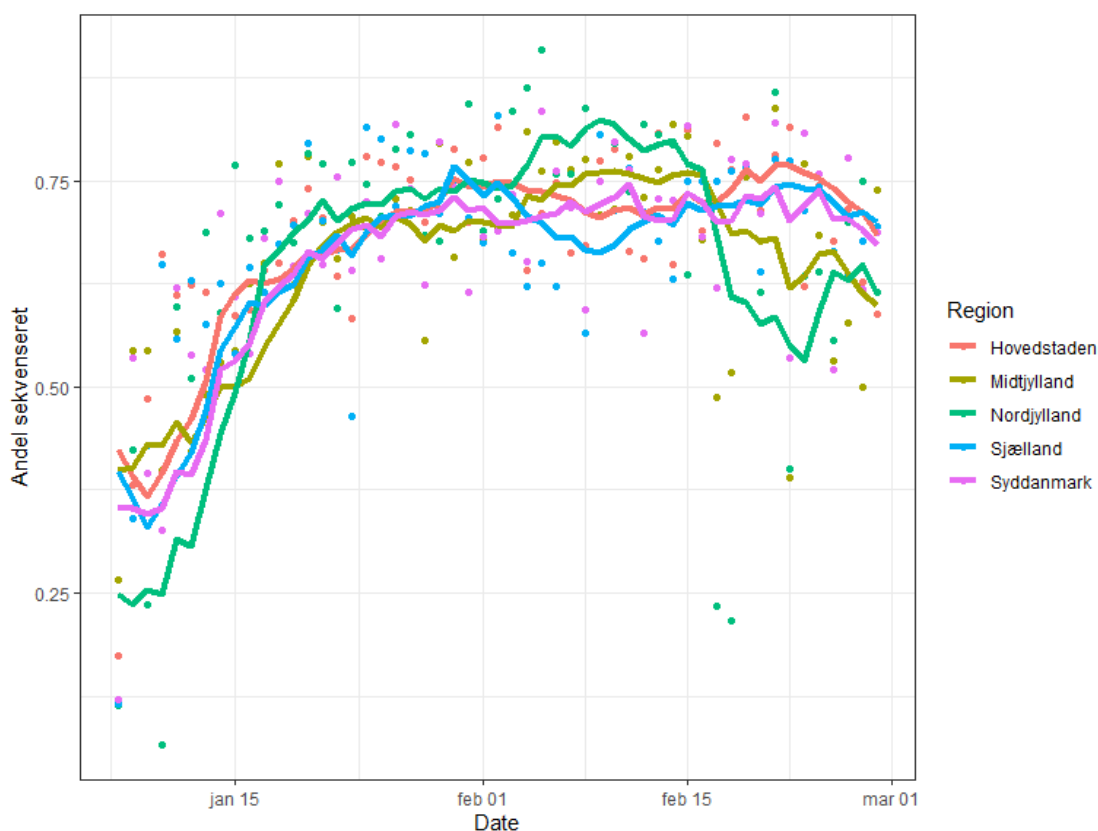
Der er endvidere en forsinkelse på data på virusvarianter, da det tager omkring en uge fra en prøve er taget, til prøven er blevet sekvenseret. Data bliver løbende justeret i takt med, at der kommer flere sekvenseringsresultater.

Andel af positive prøver, som helgenomsekventeres

Statens Serum Institut samarbejder 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. SSI vurderer, at op mod 70% af prøverne succesfuldt kan sekvenseres, da ikke alle prøver har en kvalitet, der gør sekvensering mulig.



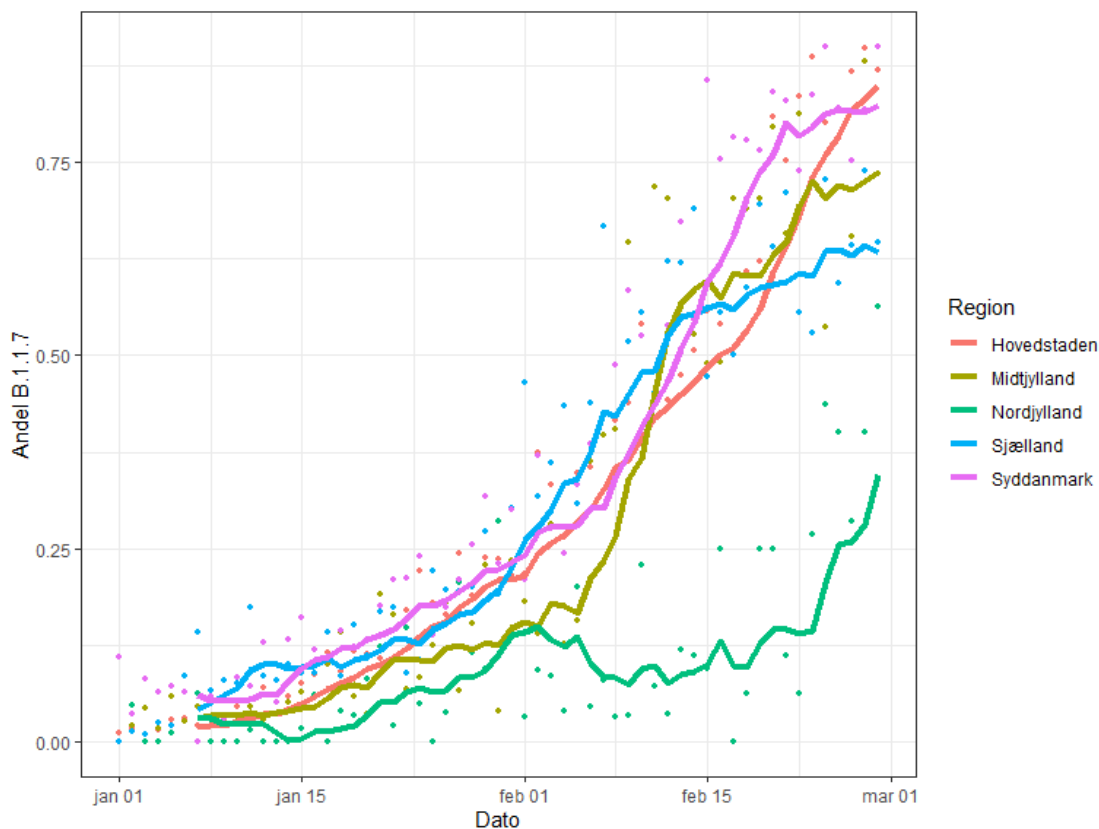
Figur 1 viser udviklingen i andelen af PCR-positive prøver fra både sundheds- og samfundssporet, hvor der foreligger et resultat af sekvenseringen. Der er ikke foretaget trunkering af data, hvorfor det forventes, at andelen de sidste dage i figuren vil stige efterhånden, som der kommer svar på flere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



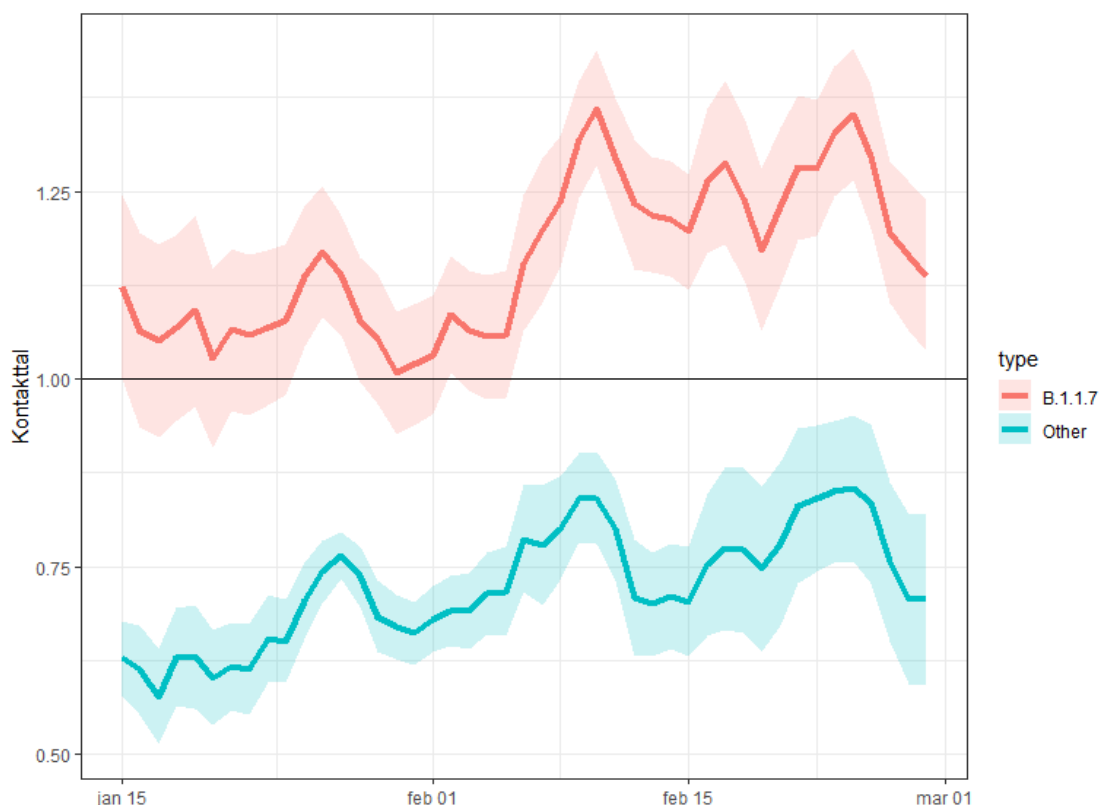
Figur 2 viser udviklingen i andelen af virusvariant B.1.1.7. blandt de sekvenserede prøver på regionalt niveau.



Figur 2: Udviklingen i andel af sekvenserede prøver, som udgøres af virusvariant B.1.1.7. Prikker for enkelte dage og linje med syv dages udglatning.

Estimation af kontakttal med Poisson regression

I figur 3 vises udviklingen i kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 og øvrige varianter over tid.



Figur 3: Udvikling i kontakttal inkl. 95% konfidensintervaller

Tabel 1: Estimer af kontakttal og 95% konfidensinterval for virusvariant B.1.1.7 og andre øvrige virusvarianter i de 14 dage op til d.28. februar 2021

Type	Rt	2,5%	97,5%
Other	0.71	0.59	0.82
B.1.1.7	1.14	1.04	1.24

Metode

Det er valgt at lave rullende poisson regressioner med beta korrektion som beskrevet i ”Ekspertrapport af d. 23. oktober 2020 – Incidens og fremskrivning af COVID-19 tilfælde”¹:

$$P_t = I_t T_t^\beta$$

¹ <https://covid19.ssi.dk/-/media/ssi-files/ekspertrapport-af-den-23-oktober-2020-incidens-og-fremskrivning-af-covid19-tilfælde.pdf?la=da>



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 er medtaget som faktorer i modellen for at tillade forskellige niveauer af smitte i de enkelte regioner og forskellige vækstrater for forskellige virusvarianter. Her præsenteres kun estimater vækstrater, som i modellen hidrører til interaktioner mellem variabelen dato og variant. 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 2021-02-28 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.