



25. januar 2021

J.nr.: 21/00879

Kontakttil for virusvariant B.1.1.7

Ekspertgruppen for matematisk modellering har estimeret kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 ud fra sekvenserede prøver til og med d. 20. januar 2021.

- Kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 er estimeret til 1.07 (95% CI [0.83 ; 1.32])
- Kontakttallet for daglige nye tilfælde af alle varianter er estimeret til 0.64 (95% CI [0.56 ; 0.73])

Det skal bemærkes, at kontakttallet for daglige nye tilfælde er beregnet ved en anden metode, end kontakttallet der opdateres på SSIs hjemmeside hver tirsdag kl. 14, hvorfor de ikke vil være identiske. Det er ikke muligt, at anvende den normale kontakttals beregningsmetode for virusvariant B.1.1.7., da der fortsat er tale om et relativt lille datamateriale. Kontakttallet på hjemmesiden for alle varianter vil også være mere opdateret end kontakttallet beregnet i denne rapport, da der er en kortere tid til svar på PCR prøve end til et resultat på en variant analyse. For at muliggøre sammenligning mellem kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 og kontakttallet for nye daglige tilfælde, er sidstnævnte beregnet med samme metode i dette notat.

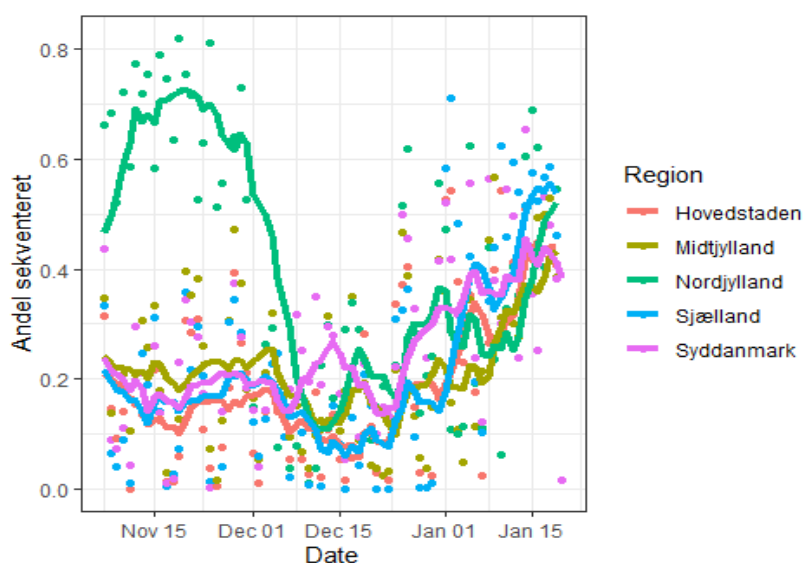
Estimeringen af kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 er fortsat behæftet med betydelige usikkerheder grundet et relativt lille datagrundlag for virusvariant B.1.1.7, samt tilfældige variationer i lokal spredning (stokastiske fluktuationer) af virusvariant B.1.1.7. Derfor kan sikkerhedsintervallerne 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.

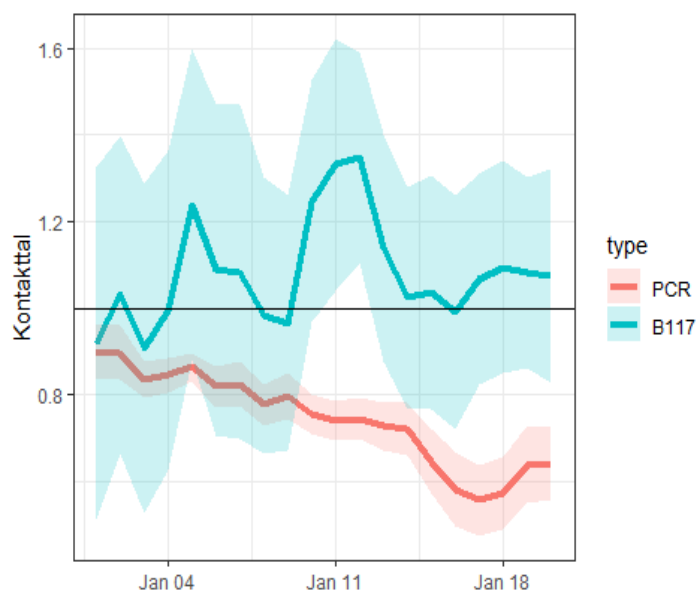
Figur 1 viser udviklingen i andelen af positive prøver, hvor der foreligger et resultat af sekvenseringen. Der er ikke foretaget trunkering af data, så det forventes, at andelen de sidste dage i figuren vil stige efterhånden, som der kommer svar på flere prøver.



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.

Estimation af kontakttal med Poisson regression

I figur 2 vises udviklingen i kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 over tid sammenholdt med kontakttallet i øvrigt. Daglige nye tilfælde af virusvariant B.1.1.7 er foreløbigt små, og dermed er det estimerede kontakttal for virusvariant B.1.1.7 endnu behæftet med store usikkerheder, hvilket afspejler sig i et bredere konfidensinterval for virusvariant B.1.1.7. Estimaterne for den seneste dag er angivet i tabel 1. Se metodeafsnit for detaljer om den anvendte model.



Figur 2: Udvikling i kontakttal inkl. 95% konfidensintervaller



Tabel 1: Estimeret af kontakttal og 95% konfidensinterval for virusvariant B.1.1.7 og det samlede kontakttal i de 10 dage op til d. 20. januar 2021.

Type	Rt	2,5%	97,5%
B117	1.07	0.83	1.32
PCR	0.64	0.56	0.73

Det er vigtigt at pointere, at kontakttallet for daglige nye tilfælde er estimeret anderledes i dette notat, end det kontakttal, der offentliggøres på SSIs hjemmeside hver tirsdag kl. 14. Det er dog ikke muligt at anvende samme beregningsmetode for virusvariant B.1.1.7. Dette skyldes, at forekomsten af virusvariant B.1.1.7 aktuelt er lav, samt at metoden som benyttes ved opdateringen hver tirsdag ikke har mulighed for at medtage, at det kun er en andel af de positive, som medtages. For at muliggøre sammenligning mellem kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 og kontakttallet for nye daglige tilfælde i alt er sidstnævnte beregnet med samme metode i dette notat. Metoden bag kontakttallet, der offentliggøres på SSIs hjemmeside hver tirsdag kl. 14, har fokus på at give et godt estimat af den seneste smitteudvikling, og lægger derfor mest vægt på de seneste observationer. Metoden, som benyttes i dette notat estimerer den gennemsnitlige smitteudvikling i en 10 dages periode for at medtage flere covid-19 tilfælde med virusvariant B.1.1.7 i analysen. Det vurderes ikke, at der er nogen systematisk forskel i estimererne.

Metode

Kontakttallene i dette notat er udregnet vha. rullende poisson regressioner med beta korrektion som beskrevet i ekspertrapporten om incidens og fremskrivning af covid-19¹:

$$P_t = I_t T_t^\beta$$

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 korrelationsstruktur i en generaliseret lineær model.

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



Region er medtaget som en faktor i modellen for at tillade forskellige niveauer af smitte i de enkelte regioner. Her præsenteres kun estimater baseret på den samlede vækstrate, som i modellen hidrører til variabelen dato. Dette leder til følgende modelstruktur:

```
glmmTMB(Pt ~ Region + Dato + offset(beta * log(Tt) + log(St)) + ar1(Dat0 + 0 | Region), data = ...)
```

Det er valgt at beregne udviklingen over tid ved for hver dag fra 2021-01-01 til 2021-01-20 at fitte ovenstående model til data fra det 10 dages interval, som slutter den pågældende dag.

For at kunne sammenligne kontakttallet for virusvariant B.1.1.7 med det overordnede kontakttal er samme model blevet benyttet for alle PCR positive prøver, hvor andelen, som indgår er sat til 1.

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.