

# Dernière mise à jour : 9 juin 2023

## Taux de reproduction ( $R_t$ ) des cas de SRAS-CoV-2 au Québec

Cette page présente l'évolution temporelle du taux de reproduction du SRAS-CoV-2 au Québec depuis le début de la pandémie. Le taux de reproduction effectif ( $R_t$ ) est défini comme le nombre moyen d'infections secondaires produites par un cas infecté dans une population où certains individus ne sont plus susceptibles à l'infection. Par exemple, un  $R_t$  de 2 implique qu'une personne infectée transmettra le SRAS-CoV-2 à deux personnes en moyenne pendant la période où elle est infectieuse. Compte tenu de la période d'incubation du virus et d'autres délais, le  $R_t$  estimé représente le niveau de transmission observé il y a près de 10 jours. Pour plus d'information sur le calcul et l'interprétation du  $R_t$ , consulter la section [Précisions méthodologiques](#) ci-dessous.

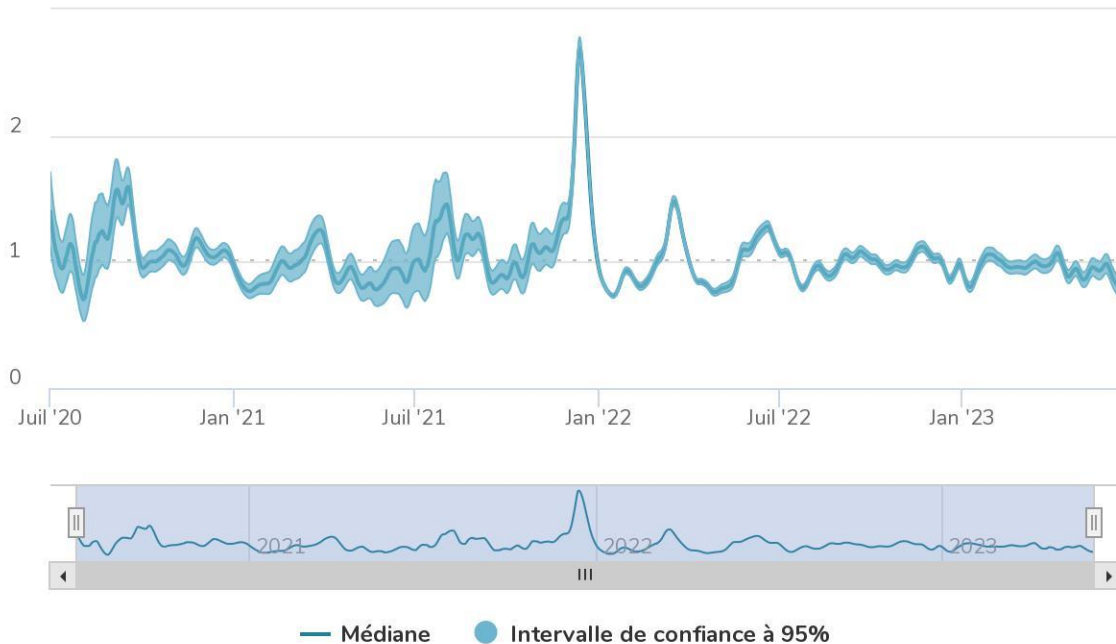
$R_t > 1$  indique que la transmission augmente.

$R_t = 1$  indique que la transmission est stable.

$R_t < 1$  indique que l'épidémie est contrôlée.

# Estimation du taux de reproduction des cas de SRAS-CoV-2 au Québec pour certains groupes prioritaires au dépistage

Estimation du taux de reproduction des cas de SRAS-CoV-2 au Québec



Le graphique est interactif; en cliquant sur une série de la légende, il est possible de la faire apparaître ou disparaître du graphique et l'échelle s'ajustera automatiquement. Il est aussi possible de faire glisser les poignées pour élargir ou rétrécir le spectre visible de la courbe et de le déplacer ensuite de gauche à droite à l'aide de la souris.

## Questions-réponses

1. Que veulent dire les lettres R et t?

$R$  fait référence au taux de reproduction, tandis que le  $t$  correspond au moment où ce taux est calculé.  $R_t$  signifie le taux de reproduction effectif au temps  $t$ .

2. Qu'est-ce que le  $R_t$  et comment l'interpréter?

Le  $R_t$  correspond au nombre moyen d'infections secondaires produites par personne infectée dans une population où il y a des personnes non-susceptibles

d'acquérir le virus. Si ce taux est supérieur à 1, l'épidémie est en croissance. Par exemple, un  $R_t$  de 2 implique qu'une personne infectée transmettra le SRAS-CoV-2 à deux personnes (en moyenne) durant la période où cette dernière est infectieuse. Si le taux est près de la valeur unitaire, la transmission et le nombre de cas demeurent stables. Un taux inférieur à 1 indique que l'épidémie est contrôlée.

Le  $R_t$  nous permet de suivre l'évolution de l'épidémie et de détecter les changements dans la transmission du virus. Il faut interpréter cet indicateur en fonction du contexte de transmission. À titre d'exemple, si l'infection est bien contrôlée (c.-à-d. peu de cas) et qu'on observe une éclosion, le  $R_t$  augmentera. Une valeur élevée de  $R_t$  est cependant beaucoup plus inquiétante si le nombre de cas est lui-même déjà élevé. C'est un indicateur épidémiologique important, mais il importe de l'interpréter en rapport avec les autres données épidémiologiques disponibles.

### 3. À partir de quelles données calcule-t-on le $R_t$ ?

Le  $R_t$  peut être estimé à partir des cas, des hospitalisations et des décès de COVID-19. Comme l'objectif est de détecter le plus tôt possible les changements du taux de reproduction, nous portons une attention particulière au  $R_t$  estimé à partir des cas. Plus précisément, nous utilisons la série temporelle des cas par date de prélèvement de l'échantillon du test (ou bien la date de déclaration pour les cas confirmés par lien épidémiologique). Nous estimons ensuite le nombre de cas journalier par dates d'infection en ajustant pour les délais entre l'apparition des symptômes et le prélèvement ainsi que les délais entre l'infection et les symptômes (période d'incubation). Finalement, le calcul du  $R_t$  se base également sur des estimés de l'intervalle générationnel, qui correspond au délai entre l'infection d'un cas index et l'infection d'un cas secondaire. Cet intervalle générationnel est utilisé pour définir le potentiel d'infectiosité des cas.

### 4. Est-ce que tous les chercheurs utilisent les mêmes méthodes pour calculer cet indice?

Il existe plusieurs méthodes pour estimer le  $R_t$  et la méthode la plus appropriée dépendra de l'objectif poursuivi. Dans le cas présent, la méthode du  $R_t$  dit « instantané » (méthode de Cori) est privilégiée puisqu'elle permet d'obtenir en temps quasi-réel des estimés valides du taux de reproduction effectif.

### 5. Est-ce qu'on peut connaître le $R_t$ en temps réel?

Oui et non... enfin, presque! Compte tenu de la période d'incubation du virus et des autres délais (épidémiologiques, rapportage, etc.), le  $R_t$  le plus récent qui peut être calculé à partir des cas correspond au niveau de transmission du SRAS-CoV-2 d'il y a environ 10 jours avant la date d'estimation. Pour cette raison, on qualifie de temps « quasi-réel » les estimés de  $R_t$ .

6. Êtes-vous en mesure de calculer  $R_t$  par région? Par ville?

Oui, il est possible de calculer un taux de reproduction pour des stratifications géographiques plus fines. Par contre, produire des estimés par régions ou villes comporte des défis additionnels. Par exemple, il faudra assumer que tous les cas acquièrent et transmettent le virus du SRAS-CoV-2 à l'intérieur de la même entité géographique (ou bien connaître le lieu exact de l'infection et ajuster les données en conséquence; mais ces données ne sont généralement pas disponibles). Aussi, plusieurs régions ont un nombre très faible de cas, ce qui rend difficile l'estimation du  $R_t$ . Finalement, dans un contexte de basse transmission – tel qu'observé dans plusieurs régions durant l'été 2020 - d'autres indicateurs épidémiologiques permettent de mieux comprendre la transmission. Pour toutes ces raisons, le  $R_t$  calculé à l'échelle de la province est considéré plus robuste.

7. Quelle région du Québec a le  $R_t$  le plus élevé? Et le moins élevé?

Le  $R_t$  peut fluctuer d'une semaine à l'autre. Et ce n'est pas nécessairement la région avec le plus grand nombre de cas qui aura le  $R_t$  le plus élevé puisque le  $R_t$  correspond à la « vitesse » à laquelle le nombre de cas augmente plutôt qu'au nombre absolu de cas observés. Par exemple, on pourrait avoir une région (A) dans laquelle on détecte 1 000 cas par jour depuis deux semaines. Une autre région (B) pourrait voir son nombre de cas passer de 5 par jour à 10 par jour la semaine suivante. C'est cette deuxième région (B) qui aura un  $R_t$  plus élevé puisque la transmission augmente alors qu'elle est stable dans la première région (A) – et ce, même si on y trouve 10 fois moins de cas. De plus, dans un contexte de basse transmission, le  $R_t$  pourrait être influencé par des éclosions avec un taux de reproduction qui pourrait fluctuer beaucoup d'une semaine à l'autre.

8. Que font les décideurs de cette donnée?

Le  $R_t$  est un indicateur important pour déterminer si la transmission est en recul ou en augmentation. L'objectif est de maintenir ce taux de reproduction en dessous de 1 en adaptant et optimisant les interventions pour réduire la propagation du SRAS-CoV-2. Lorsqu'il est interprété conjointement avec les

autres indicateurs épidémiologiques, il peut apporter aux décideurs un éclairage additionnel sur les tendances épidémiologiques.

### 9. Quelles sont les limites du $R_t$ ?

Le  $R_t$  est sensible aux efforts de dépistage et critères d'éligibilité pour les tests. Par exemple, si on fait plus de dépistage, on pourrait trouver plus de cas et le taux de reproduction pourrait augmenter artificiellement. Par contre, tant que la proportion des cas détectés demeure constante dans le temps, la méthode utilisée ne sera pas biaisée. C'est la raison pour laquelle le  $R_t$  calculé sur l'ensemble de la population a été archivé suite aux changements de la stratégie de dépistage en janvier 2022. Deuxièmement, les délais d'agrégation des données de vigie épidémiologique nous obligent à exclure les deux dernières journées des séries temporelles de nos estimés. Finalement, les différents délais utilisés dans le calcul du  $R_t$  sont présentement considérés comme stables, alors qu'ils peuvent varier dans le temps. Par exemple, on pourrait attendre moins de temps après avoir des symptômes s'apparentant à la COVID-19 maintenant qu'au début de la pandémie.

### 10. Quelle est la différence entre le $R_t$ et le $R_0$ ?

Le  $R_0$  (appelé R-zéro) est le taux de reproduction de base. Il correspond au nombre moyen de cas secondaires produits par un cas infecté **dans une population entièrement susceptible** (c.-à-d., sans aucune immunité). De son côté, le  $R_t$  est calculé dans une population où certains individus ne sont plus susceptibles, ce qui tient compte de l'immunité.

### 11. Comment interpréter le $R_t$ dans un contexte de faible transmission?

Lorsque le niveau de transmission est bas, le  $R_t$  devient moins utile comme indicateur épidémiologique. Dans ce cas, la « proportion des cas pouvant être liée à une éclosion connue » est un meilleur indicateur du niveau de transmission. Par exemple, il est plus inquiétant d'avoir 10 cas qui ne sont pas liés entre eux que 10 cas provenant d'une même éclosion et ce, même si ces deux scénarios ont le même  $R_t$ .

### 12. Quel serait l'impact d'un $R_t$ supérieur à 1 sur une longue période de temps?

Un  $R_t$  supérieur à 1 sur une longue période résulterait en une augmentation exponentielle du nombre de cas. Cette augmentation se ferait plus ou moins rapidement en fonction du  $R_t$  et du nombre de cas infectieux. Par exemple, si le taux de reproduction est supérieur à 1 mais que le nombre de cas est faible, cela donnerait aux autorités plus de temps pour contrôler la transmission que si le nombre de cas était élevé.

## Précisions méthodologiques

Depuis la mise à jour du 24 février 2022, le  $R_t$  est désormais calculé à partir de données sur les groupes ayant la priorité de dépistage et pour lesquels les critères de dépistage n'ont pas changé, soit les travailleurs de la santé (M3), les patients en soins aigus symptomatiques (M1) et les patients asymptomatiques qui seront admis en soins aigus (M8). Ces changements méthodologiques ont été appliqués rétroactivement depuis le 1<sup>er</sup> juillet 2020, date à partir de laquelle il est possible de suivre ces groupes prioritaires. Le détail des groupes ayant la priorité de dépistage est disponible [ici](#). Le  $R_t$  calculé sur l'ensemble de la population pour la période du 13 mars 2020 au 27 décembre 2021 est présenté dans la section [Archives](#).

Le  $R_t$  est une mesure qui permet de détecter les changements du niveau de transmission d'un agent infectieux dans le temps. L'objectif est de maintenir ce taux de reproduction en dessous de 1 en adaptant et en optimisant les interventions pour contrôler la propagation du SRAS-CoV-2.

### **Il faut interpréter le $R_t$ en fonction du contexte épidémiologique.**

Par exemple, il faut être prudent lorsque l'on compare le  $R_t$  entre régions :

Région **1** : 1000 cas par jour stable.  $R_t \approx 1$ .

Région **2** : passe de 5 à 10 cas par jour.  $R_t \approx 2$ .

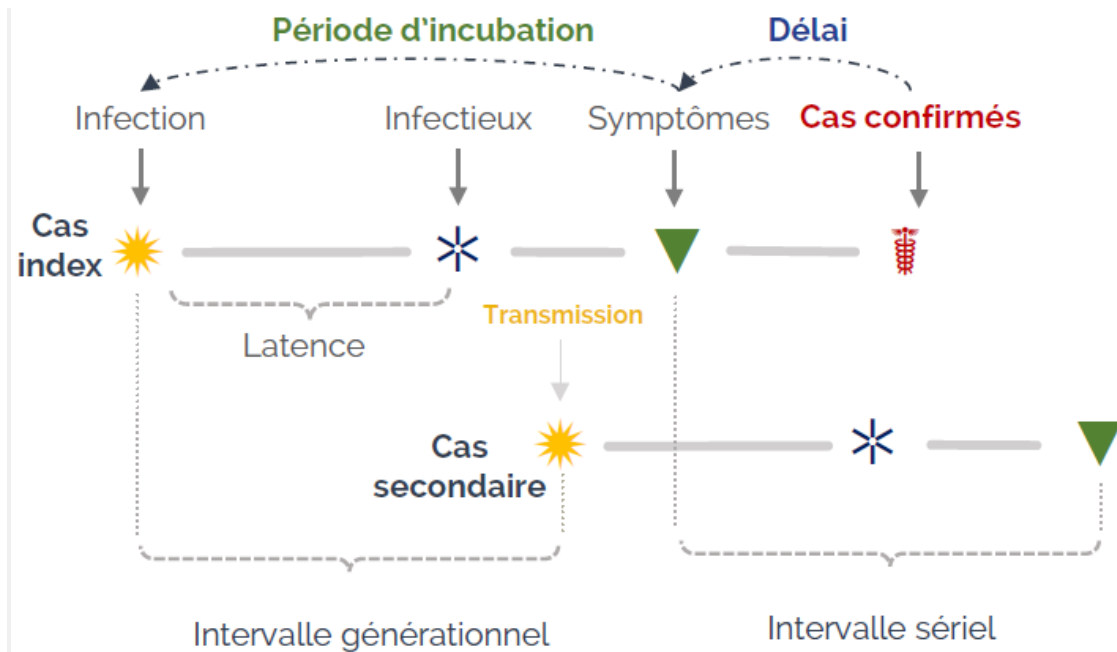
Selon le  $R_t$ , la région **2** aurait une transmission active plus inquiétante, par contre la situation dans la région **1** pourrait être plus préoccupante en raison du nombre déjà élevé de cas quotidiens.

Le  $R_t$  fournit donc une information complémentaire aux autres indicateurs épidémiologiques.

### Sommaire méthodologique

La méthodologie adoptée permet d'estimer un  $R_t$  dit « instantané »<sup>1,2</sup> à partir des cas de SRAS-CoV-2 détectés au Québec. Cette méthodologie requiert deux types de données :

1. La courbe épidémiologique des nouvelles infections;
2. L'intervalle générationnel (le délai moyen entre l'infection d'un cas primaire et celle d'un cas secondaire; Figure 1).



**Figure 1 - Schématisation du processus du calcul rétroactif des courbes des cas nouvellement infectés et définition des principaux termes épidémiologiques.**

Comme il est impossible d'observer directement la courbe des infections (c.-à-d., la date à laquelle une personne est infectée), elle est calculée rétroactivement à partir de la série temporelle des cas confirmés en laboratoire (date du prélèvement) ou par lien épidémiologique (date de déclaration). Cette série temporelle est d'abord lissée afin de réduire l'impact des effets de fins de semaine où un nombre de cas plus faible est généralement déclaré<sup>3</sup>.

La série lissée est ensuite utilisée pour calculer la courbe des infections à partir d'un algorithme de déconvolution de type Richardson-Lucy<sup>4</sup>, qui permet d'estimer les temps d'infection. Cet algorithme s'appuie sur le délai entre l'infection et l'apparition des symptômes (période d'incubation; Figure 1) ainsi que les délais entre l'apparition des symptômes et le prélèvement du test (ou la

date de déclaration des cas par lien épidémiologique). Cette méthode permet également de tenir compte de la troncature à droite des séries temporelles (c.-à-d., les personnes infectées, mais pas encore confirmées)<sup>4,5</sup>.

Le  $R_t$  est ensuite calculé, sur une fenêtre mobile de 5 jours, comme le ratio des nouvelles infections sur le profil d'infectiosité des cas dépistés au même moment<sup>1,2</sup>. Le profil d'infectiosité est une distribution qui représente la probabilité journalière qu'un individu soit infectieux après avoir été infecté. À noter que les cas importés contribuent au profil d'infectiosité, mais sont exclus du numérateur de ce ratio (ne sont pas considérés comme de « nouvelles » infections).

Il existe des méthodes alternatives pour calculer le taux de reproduction, mais la méthode du  $R_t$  « instantané » est la plus robuste pour obtenir des estimés en temps quasi-réel<sup>5</sup>. Les détails complets sur la méthodologie et le code pour reproduire les analyses sont disponibles sur le site [GitHub](#).

## Limites méthodologiques

Estimer le  $R_t$  de façon précise présente plusieurs défis<sup>5</sup>.

1. Les efforts de dépistage et les critères d'éligibilité au test du SRAS-CoV-2 peuvent varier dans le temps, influençant le nombre de cas diagnostiqués. Une augmentation ou une diminution importante des efforts de dépistage pourrait causer un accroissement ou une réduction artificielle du  $R_t$  respectivement puisque le modèle interprète tous changements dans le nombre de cas comme une modification du taux de transmission.
2. Les délais d'agrégation des données de vigie épidémiologique nous obligent à exclure les deux dernières journées des séries temporelles. Ces délais s'ajoutent aux délais épidémiologiques (incubation et prélèvement) faisant en sorte que le  $R_t$  estimé représente le niveau de transmission observé il y a près de 10 jours.
3. Certaines des distributions utilisées (intervalle générationnel, symptômes-prélèvement) pour reconstruire les courbes des infections pourraient varier dans le temps et affecter les estimés de  $R_t$ . Si nécessaire, des itérations futures nous permettront de prendre en compte ces changements potentiels.
4. Lorsque le niveau de transmission est bas, le  $R_t$  est moins utile comme indicateur épidémiologique. Le cas échéant, « la proportion des cas pouvant être liée à une éclosion connue » est un meilleur indicateur du niveau de transmission.



## Références

1. Cori A, Ferguson NM, Fraser C, Cauchemez S. A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics. *Am J Epidemiol*. 2013 Nov 1;178(9):1505–12.
2. Thompson RN, Stockwin JE, van Gaalen RD, Polonsky JA, Kamvar ZN, Demarsh PA, et al. Improved inference of time-varying reproduction numbers during infectious disease outbreaks. *Epidemics*. 2019 Dec 1;29:100356.
3. Scire J, Nadeau S, Vaughan T, Brupbacher G, Fuchs S, Sommer J, et al. Reproductive number of the COVID-19 epidemic in Switzerland with a focus on the Cantons of Basel-Stadt and Basel-Landschaft. *Swiss Med Wkly* [Internet]. 2020 May 4 [cited 2020 Jun 3];150(1920). Available from: <https://smw.ch/article/doi/smw.2020.20271.20271>
4. Goldstein E, Dushoff J, Ma J, Plotkin JB, Earn DJD, Lipsitch M. Reconstructing influenza incidence by deconvolution of daily mortality time series. *Proc Natl Acad Sci*. 2009 Dec 22;106(51):21825–9.
5. Gostic KM, McGough L, Baskerville E, Abbott S, Joshi K, Tedijanto C, et al. Practical considerations for measuring the effective reproductive number, Rt. *medRxiv*. 2020 Jun 21;2020.06.18.20134858.

## Sources

Trajectoire de santé publique (MSSS)  
Infocentre de santé publique du Québec (données des laboratoires)

## Contributions

### **Groupe de modélisation de la COVID-19 - Université McGill**

Mathieu Maheu-Giroux; Arnaud Godin; Yiqing Xia.

### **Collaborateurs**

Marc Brisson; Caty Blanchette (Université Laval).  
David Buckeridge; Charlotte Lanièce (Université McGill).  
Marie-Claude Boily (Imperial College London).

## Voir aussi

[Brefpage technique indice Rt, présentation](#)

[Mathieu MG, matmg.com](http://matmg.com)

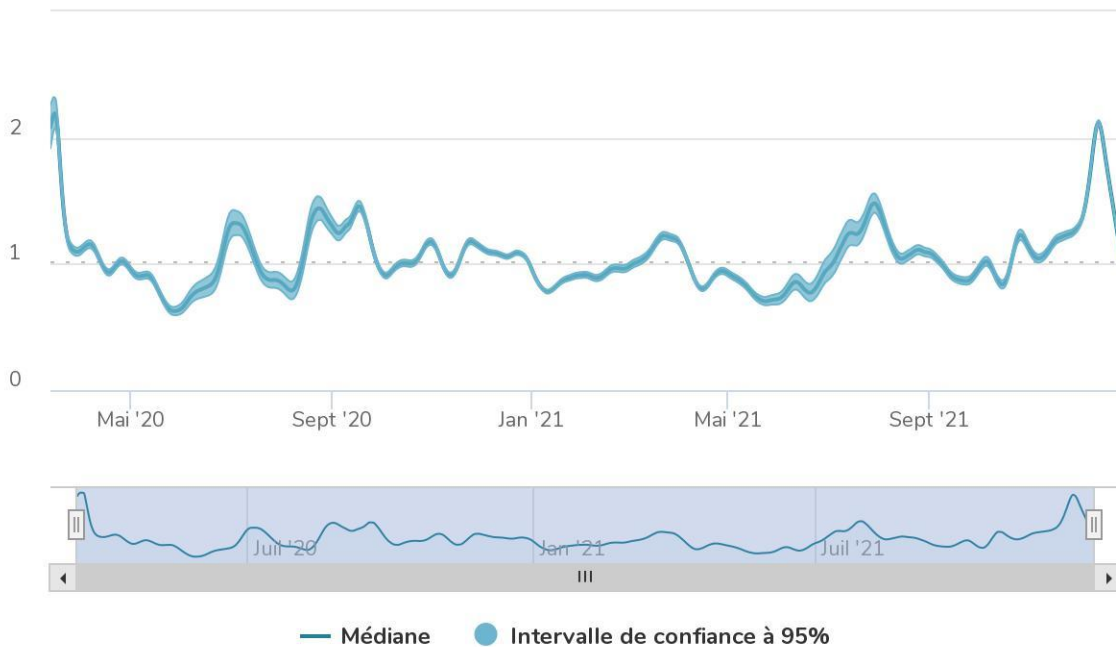
[Projections des impacts d'une reprise progressive des activités économiques, sociales et cliniques](#)

## Archives

En raison des changements apportés à la [stratégie de dépistage](#) en janvier 2022, la méthode de calcul pour le  $R_t$  a été revue afin de ne tenir compte que de certains groupes prioritaires. Il est cependant possible de consulter le  $R_t$  calculé pour l'ensemble de la population du Québec entre le 13 mars 2020 et le 27 décembre 2021 dans cette section.

## Estimation du taux de reproduction des cas de SRAS-CoV-2 au Québec pour l'ensemble de la population (dernière mise à jour : 24 janvier 2022)

Estimation du taux de reproduction des cas de SRAS-CoV-2 au Québec



# INSPQ



[© Gouvernement du Québec, 2023](#)