



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

3 septembre 2020



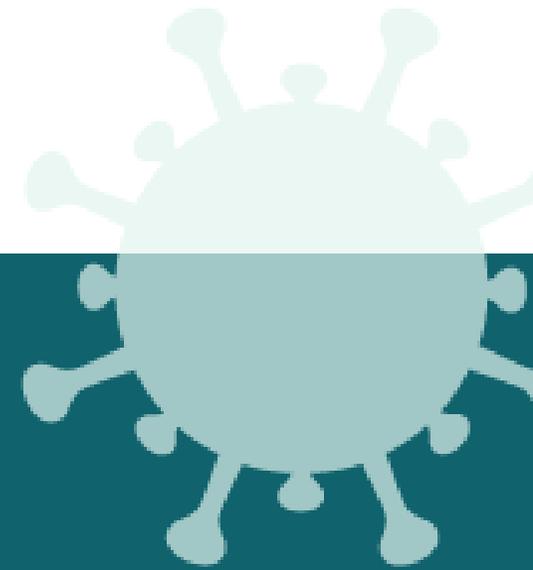
McGill

Department of
Epidemiology, Biostatistics
and Occupational Health

*Institut national
de santé publique*

Québec 

Breffage technique

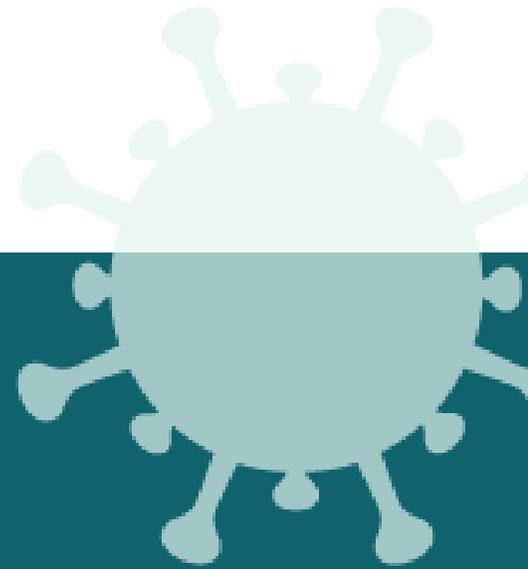


Résumé

- Qu'est-ce que le taux de reproduction effectif (\mathcal{R}_t) ?
- Quelle est l'utilité du \mathcal{R}_t ?
- Comment est-il calculé ?
- Quelles sont les limites de cet indicateur ?
- Questions...

Contexte

Un outil pour aider à suivre le cours de l'épidémie



Différences entre \mathcal{R}_0 et \mathcal{R}_t

- **Taux de reproduction de base (\mathcal{R}_0)**

Nombre moyen d'infections secondaires par cas infecté dans une population **entièrement susceptible** (c'est-à-dire, sans immunité).

- **Taux de reproduction effectif (\mathcal{R}_t)**

Nombre moyen d'infections secondaires par cas infecté dans une population où **certaines personnes ne sont plus susceptibles*** à l'infection. Il est indexé par t pour indiquer qu'il va varier dans le temps.

(*Dès que l'immunité est > 0 %, on parle de \mathcal{R}_t).

À quoi sert le \mathcal{R}_t ?

Le \mathcal{R}_t est un indicateur qui nous permet de suivre l'évolution de l'épidémie et de détecter les changements dans la transmission du virus.

Le \mathcal{R}_t s'interprète comme suit :

- $\mathcal{R}_t > 1$ indique que la transmission augmente.
- $\mathcal{R}_t = 1$ indique que le niveau de transmission est stable.
- $\mathcal{R}_t < 1$ indique que l'épidémie est contrôlée.

☛ Un \mathcal{R}_t de 2 implique qu'une personne infectée transmettra le SRAS-CoV-2 à 2 personnes (en moyenne) durant la période où cette dernière est infectieuse.

Interprétation et comparaisons

Il faut interpréter le \mathcal{R}_t en fonction du contexte épidémiologique.

Par exemple, il faut être prudent lorsque l'on compare le \mathcal{R}_t entre régions :

Province ① : 1000 cas par jour stable sur les dernières semaines, $\mathcal{R}_t \approx 1$

Province ② : passe de 5 cas par jour à 10 cas par jour, $\mathcal{R}_t \approx 2$

☛ Selon le \mathcal{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 élevé de cas quotidiens.

Contexte de faible transmission

- Lorsque la transmission est basse (quelques cas par jour), \mathcal{R}_t devient moins utile comme indicateur épidémiologique. Il fluctuera autour de 1 avec un large intervalle d'incertitude.
- **La proportion des cas liés à une éclosion connue est alors un meilleur indicateur** du niveau de transmission.

Exemple :

Pour un même \mathcal{R}_t , il est plus inquiétant d'avoir 25 cas qui ne sont pas liés entre eux que 25 cas provenant d'une même éclosion.

Méthodologie

Estimation du \mathcal{R}_t « instantané »

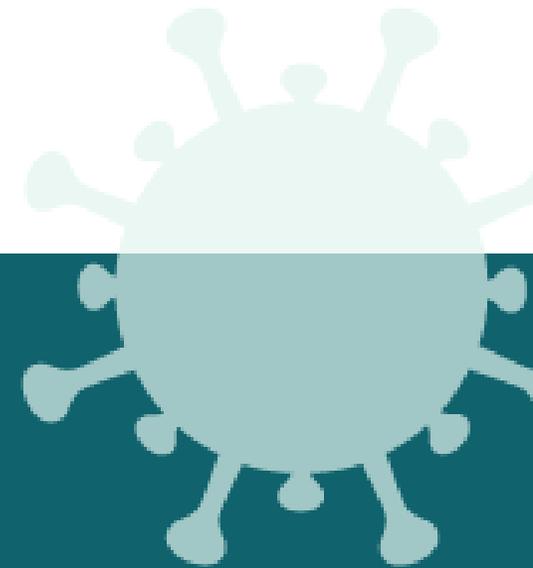
Références : Cori A 2013; Thompson R 2019 ; Sciré J 2020, Gostic KM 2020.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3816335/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31624039/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32365217/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32607522/>



Données utilisées

Les deux intrants principaux pour calculer le \mathcal{R}_t sont :

1. La **courbe des nouvelles infections**, qui n'est pas observée directement.
2. L'**intervalle générationnel**, où le délai moyen entre l'infection d'un cas « index » et celle d'un cas secondaire.

On estime la courbe des nouvelles infections à partir :

- Des données sur les cas par date de prélèvement de l'échantillon (du LSPQ) ou date de confirmation pour les cas confirmés par lien épidémiologique (V10/TSP).
- On corrige ensuite pour les délais dus à la **période d'incubation** (infection-symptômes) et du **délai entre les symptômes et le prélèvement** du test (V10/TSP).

Méthodologie

Procédure

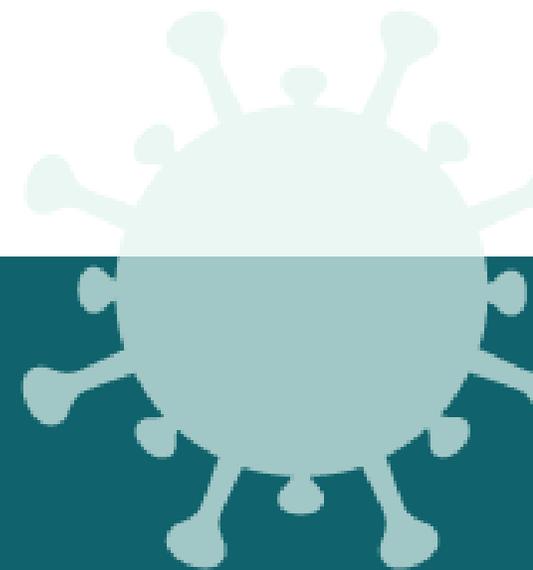
Estimation de la courbe d'infection :

1. La série temporelle des cas est lissée pour ajuster les effets de fin de semaine.
2. Un algorithme de déconvolution qui tient compte de la période d'incubation et des délais symptômes-prélèvement est utilisé pour estimer la courbe des nouvelles infections.

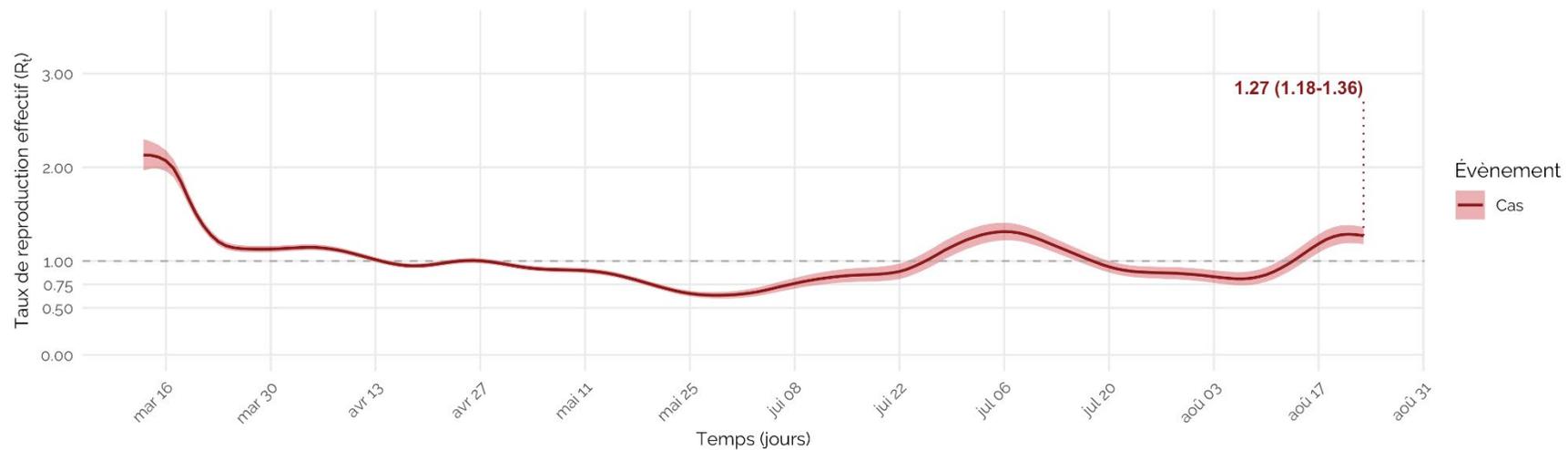
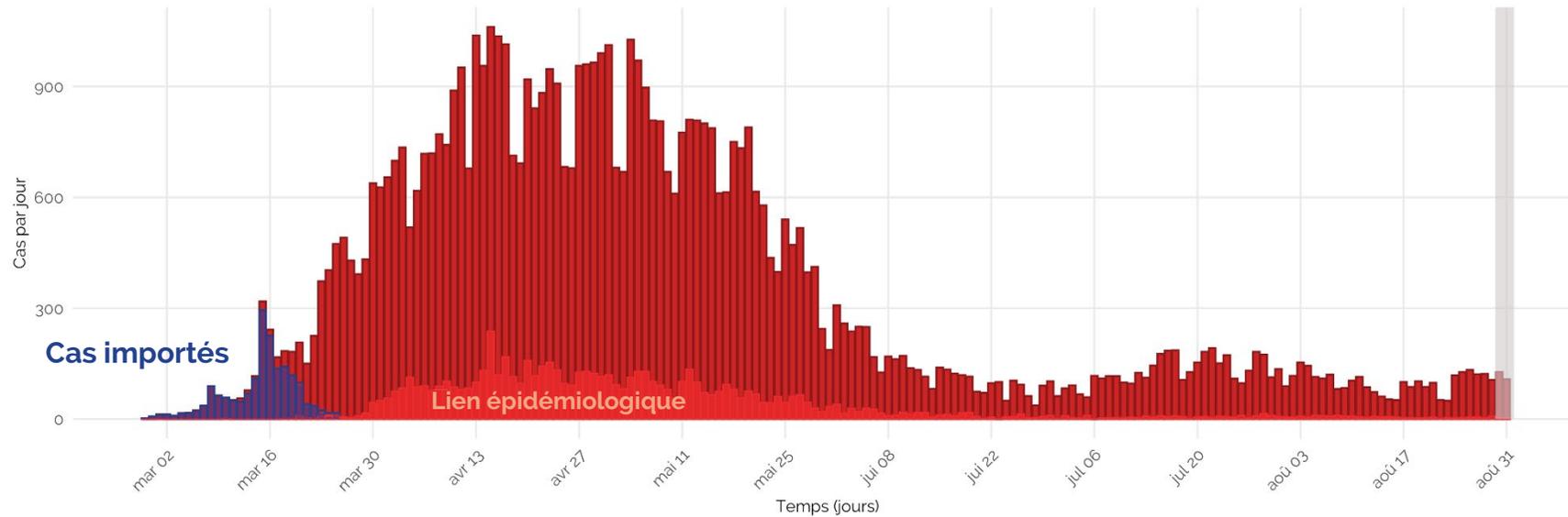
Estimation du \mathcal{R}_t « instantané » :

- Le \mathcal{R}_t est calculé comme le ratio du nombre de nouvelles infections par le potentiel d'infectiosité relative (intervalle générationnel) de la population infectée.

Situation actuelle au Québec



Courbe épidémiologique et \mathcal{R}_t



Limites de l'approche

Le \mathcal{R}_t estimé aujourd'hui correspond au taux de reproduction d'il y a environ 10 jours.

- En cause, les délais épidémiologiques et de rapportage des données.

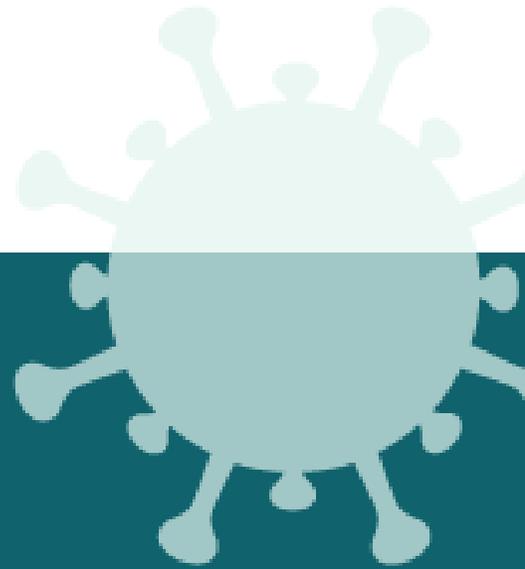
La méthode utilisée pour estimer le \mathcal{R}_t interprète toute variation dans le nombre de cas comme un changement du taux de transmission.

- Dépister plus (ou moins) ou changer substantiellement les critères de dépistage induiront un biais dans le \mathcal{R}_t estimé.

Certaines des distributions utilisées pourraient varier dans le temps.

- Par exemple, si on attend moins après l'apparition des symptômes pour aller se faire dépister.

Conclusions

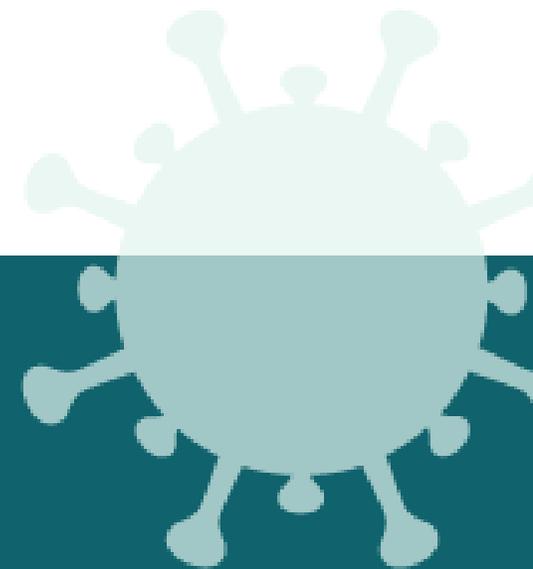


Mots de la fin

- Le \mathcal{R}_t est un indicateur important pour déterminer si la transmission du SRAS-CoV-2 est en recul ou en augmentation.
- Il faut l'interpréter à la lumière des autres indicateurs épidémiologiques disponibles.
- Les estimés de \mathcal{R}_t seront mis à jour sur une base hebdomadaire, permettant un suivi régulier.

Équipes et collaborations

Université McGill, Institut national de santé publique du Québec,
Université Laval, Imperial College London



Équipes et collaborateurs

Université McGill

Mathieu Maheu-Giroux

Arnaud Godin

Yiqing Xia

Collaborateurs : David Buckerdige, Charlotte Lanière

Université Laval

Marc Brisson, Caty Blanchette

Imperial College London

Marie-Claude Boily