

En matematisk modell för smittspårning av klamydia

Manne Norman*

Juni 2016

Sammanfattning

Syftet med det här arbetet har varit att undersöka om en matematisk modell kan användas för att dra slutsatser kring smittspårning av en klamydiainfektion. Vi går igenom vad en matematisk modell bör ta hänsyn till avseende sjukdomen och hur den sprids inom en population. Vi tar sedan fram en stokastisk modell och använder oss av simuleringar på denna för att bestämma hur en smittspårningsprocess bör utformas. Vi ser att de endemiska nivåerna för klamydiasmittan påverkas i hög grad av om smittspårning genomförs, men även på sättet som detta sker. Här är några aspekter viktigare än andra. Att smittspåra extra långt tillbaka ger endast en marginell minskning av andelen smittsamma i populationen. Istället ser vi att smittonivåerna varierar kraftigt beroende på sannolikheten med vilken eftersökta individer i smittspårningsprocessen identifieras. Speciellt undersöker vi hur effektiv smittspårningen måste vara för att skapa ett klimat där en klamydiainfektion inte kan bli endemisk. Slutsatsen blir att en matematisk modell kan vara användbar för att beräkna effekterna av smittspårning och även ge vägledning om hur smittspårningen bör utformas. Dock så är modellen just en modell och i vilken utsträckning resultaten är överförbara till verkligheten är en fråga för fortsatt diskussion. På grund av deras epidemiologiska likheter kan modellen utan allt för stora förändringar även användas till att svara på motsvarande frågeställningar för gonorré. Vi diskuterar även hur man istället för en stokastisk modell kan angripa samma problem med en deterministisk modell och vilka svårigheter som då uppkommer.

*Postadress: Matematisk statistik, Stockholms universitet, 106 91, Sverige.
E-post: manne.norman@hotmail.com. Handledare: Maria Deijfen, Pieter Trapman.