

Modellering av AIDS-spridning

MATEMATISK MODELLERING, TEKNISK FYSIK F2



Mikael Blomqvist
Emelie Bylund

Björn Bodén
Andreas Draganis

17 maj 2005

Sammanfattning

I detta projekt har vi utarbetat en matematisk modell över spridningen av HIV/AIDS i en population. Vi har valt att basera modellen på ett I-land. Av vår erhållna sjukdomsutveckling att döma anser vi att vi har kommit relativt nära verkligheten.

Abstract

In this project we have developed a mathematical model of the spread of HIV/AIDS in a population. We have chosen to base the model on an industrialized country. In view of our acquired results we consider ourselves to have come relatively close to reality.

Innehåll

1	Bakgrund	2
2	Problemet	2
3	Modellen	2
3.1	Modellen i allmänhet	2
3.2	Uppställning av ekvationer	4
4	Lösning av problemet	6
5	Resultat	6
6	Diskussion	8
	References	10

1 Bakgrund

Vi valde en AIDS-epidemi som modelleringsobjekt eftersom vi tyckte att en modellering av en epidemi lät som ett mycket intressant sätt att tillämpa kunskaperna från kursen. Anledningen till att vi valde just AIDS är att sjukdomen är världsomspännande och ständigt aktuell. AIDS är den värsta epidemin i modern tid, och till en följd av detta även väldokumenterad.

AIDS är en av de värsta globala epidemierna i människans historia. År 1981 rapporterade smittskyddsinstitutet i Atlanta om förekomsten av en sällsynt och smittsam sjukdom som påfunnits hos fem homosexuella amerikanska män. Snart började rapporter om liknande fall dyka upp runt om i hela världen, AIDS-epidemin hade officiellt börjat. Det började forskas intensivt runt om i världen i hopp om att finna orsaken samt på sikt ett botemedel till sjukdomen. År 1985 fann en amerikansk vetenskapsman att HIV-viruset, som upptäckts ett år tidigare vid Pasteur-institutet i Frankrike, var orsaken till AIDS.

AIDS har kostat runt 25 miljoner människor livet sedan sjukdomen upptäcktes, och flera miljoner dör varje år. I utvecklingsländerna orsakar AIDS enorma problem. I vissa länder i Afrika är medellivslängden på väg ner mot nivåer kring 30 år, och på vissa ställen i Afrika håller AIDS på att orsaka en negativ befolkningstillväxt, vilket skulle vara den första gången en sjukdom orsakar något sådant sen Digerdöden.

På senare tid har dock läkemedel för sjukdomen utvecklats, som kan bromsa in sjukdomen och hindra den från att utvecklas, dock finns ännu inget botemedel. Dessutom är det i stort sett bara smittade i I-länder som har möjlighet att erhålla en ordentlig behandling för sin sjukdom.

2 Problemet

Vår uppgift är att ställa upp en matematisk modell för utvecklingen av HIV/AIDS inom en population. Detta är naturligtvis ett projekt som i princip kan bli hur omfattande som helst, så självklart måste begränsningar göras. Vi har velat göra modellen så realistisk som möjligt utan att den ska kräva orimligt mycket arbete, men bakgrundstanken har alltid varit att det är själva modelleringsarbetet och lärdomar av detta som är det viktigaste.

3 Modellen

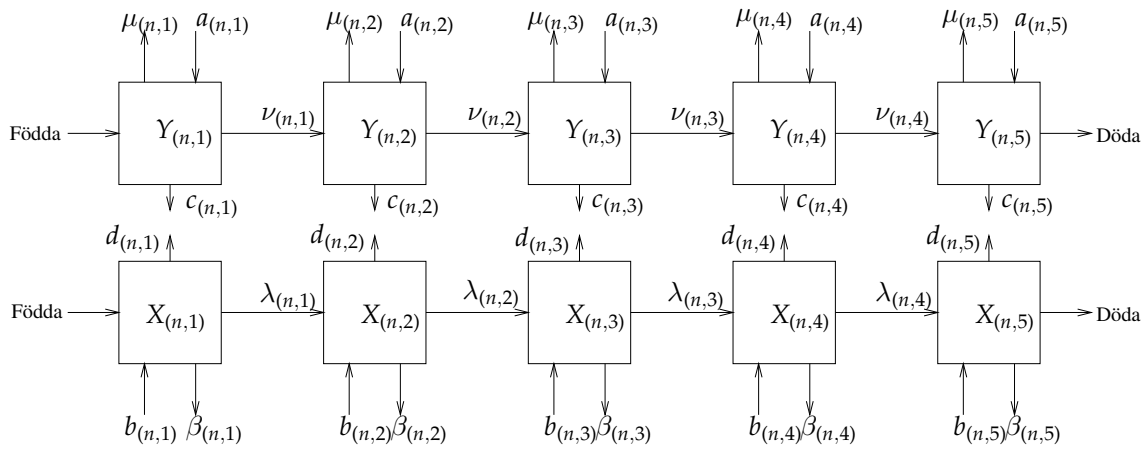
Vi har delat upp beskrivningen av modellen i två steg, i steg 1 beskriver vi modellen i allmänhet och i steg 2 förklarar vi hur vi har ställt upp de ekvationer som är nödvändiga för att modellera sjukdomsutvecklingen.

3.1 Modellen i allmänhet

Vi har valt att dela upp modellen m.a.p. kön eftersom vi funnit att det föreligger ganska stora skillnader. Kvinnor har större sannolikhet att bli smittade av HIV vid en sexuell kontakt än mannen. En homosexuell man har dock betydligt större risk att bli smittad än en homosexuell kvinna. Män är också en större grupp av drogmissbrukare än kvinnor.

För att få en så realistisk epidemibild som möjligt har vi delat in modellen i ålderskategorier. Ålderskategorierna vi har valt är: (0-5), (6-14), (15-24), (25-39) och (40-55). Anledningen till att vi har negligerat personer äldre än dessa är att vi utgår ifrån att man då har stadgat sig och inte tar nya sexuella kontakter. Personer i yngre åldrar utsätts för en större smittorisik då de har sex med ett större antal personer.

Modellen som vi har utarbetat kan ses i figur 3.1.



Figur 1: Blockschema över spridningsmodell

- $Y_{(n,1)}$ är antalet kvinnor i populationen av ålderskategori n som är friska.
- $X_{(n,1)}$ är antalet män i populationen av ålderskategori n som är friska.
- $Y_{(n,j)}, X_{(n,j)}$ antalet sjuka i stadie j och ålderskategori n.
- $\mu_{(n,j)}$ är bakgrundsdödlighet för kvinnor i sjukdomsstadie j och ålderskategori n (andel per år).
- $\nu_{(n,j)}$ är andelen kvinnor i sjukdomsstadie j och ålderskategori n som insjuknar alternativt går över till nästa sjukdomsstadie per år.
- $a_{(n,j)}$ är andelen kvinnor i sjukdomsstadie j och ålderskategori n-1 som går över till ålderskategori n per år.
- $c_{(n,j)}$ är andelen kvinnor i sjukdomsstadie j och ålderskategori n som går över till ålderskategori n+1.
- $\lambda_{(n,j)}$ är andelen män som insjuknar alternativt går över till nästa sjukdomsstadie per år.
- $\beta_{(n,j)}$ är bakgrundsdödlighet för män i sjukdomsstadie j och ålderskategori n.
- $b_{(n,j)}$ är andelen män i sjukdomsstadie j och ålderskategori n-1 som går över till ålderskategori n per år.
- $d_{(n,j)}$ är andelen män i sjukdomsstadie j och ålderskategori n som går över till ålderskategori n+1.

Vi kommer i fortsättningen bara att diskutera uppbyggnaden av modellen för kvinnor (Y) men exakt det analoga gäller för män (X).

I vår modell har vi först ett block $Y_{(n,1)}$ där man är frisk. Därefter följer fyra olika block $Y_{(n,j)}$, dessa motsvarar de fyra olika stadier man kan dela in HIV i. De olika faserna är olika långa och kännetecknar de olika faser man genomgår när man blivit smittad. Det börjar med att man blir smittad. Denna första fas $Y_{(n,2)}$ varar en månad. Sedan går det över i fas två $Y_{(n,3)}$ som är på ungefär tio år. I den känner man inte av några symptom vilket gör att man oftast inte upptäcker sin smitta. När smittan går över i fas tre $Y_{(n,4)}$ däremot börjar man få symptom som kännetecknar sjukdomen. Det skiljer markant från person till person hur länge denna fas varar. När sedan immunförsvaret är helt nedbrutet går personen till den fjärde och sista fasen $Y_{(n,5)}$, AIDS. Då personen väl har kommit till denna slutfas dör personen inom ett par år. Normalt sätt dör 94% inom fem år.

Bakgrundsödlighet $\mu_{(n,j)}$ tar vi i beaktning p.g.a. risken att den smittade kan dö utav annan anledningen än sin smitta. Storleken för denna dödlighet beror i stor grad av vilket sjukdomsstadie den smittade befinner sig i. Men då antalet personer som befinner sig i senare faser blir färre kommer ett mindre antal personer dö, detta gör att vi approximerar bakgrundsödligheten till lika för alla faser.

Tillväxten till ett block där man är frisk är genom födsel. Detta ger att populationen endast växer i ålderskategorin (0-5)år, vi tar alltså inte i beaktning eventuell immigration och emmigration.

Då en person bli smittad med HIV, går personen från $Y_{(n,1)}$ till $Y_{(n,2)}$. Det finns ett antal olika sätt att bli smittad. De som vi tar i beaktning är sex mellan män, sex mellan man och kvinna och intravenöst missbruk. Utav dessa är den klart mest utsatta gruppen homosexuella män.

En person som blir smittad kan i dag överleva alla våra sjukdomsstadier. Detta gör att en person i en ålderskategori n kommer att gå vidare in i nästa ålderskategori $n+1$. Andelen som går över till nästa ålderskategori är $c_{(n,j)}$. Detta innebär också att det kommer att tillföras både sjuka och friska i ålderskategori n från ålderskategori $n-1$, andelen som gör denna övergång är $a_{(n,j)}$.

3.2 Uppställning av ekvationer

Vi kommer som påpekats innan att bara beskriva modellen för kvinnor (förutom i enstaka fall då vi anser det lämpligt), men det exakt analoga gäller för män så när på några konstanter.

För att kunna insjukna i HIV krävs någon typ av kroppskontakt. Denna kan ske genom sexuell utbyte, användning av samma kanyl vid droginjektion m.m. Detta ger att antalet kvinnor som insjuknar i ålderskategori n ges av ekvation (1).

$$\nu_{(n,1)} = \alpha_{n11} + \alpha_{n12} + \alpha_{n13} + \alpha_{n14} + \gamma_{n11} + \gamma_{n12} + \gamma_{n13} + \gamma_{n14} \quad (1)$$

Samma ekvation för männen ges av (2).

$$\lambda_{(n,1)} = \alpha_{n21} + \alpha_{n22} + \alpha_{n23} + \alpha_{n24} + \gamma_{n21} + \gamma_{n22} + \gamma_{n23} + \gamma_{n24} \quad (2)$$

Problemet består nu utav att bestämma α_{nji} och γ_{nji} . Börjar med att bestämma α_{n11} . Denna beskriver antalet friska kvinnor som blir smittade utav männen i $X_{(n,2)}$. Detta är de män som precis blivit sjuka, så det är en god approximation att anta att de ännu inte vet om att de bär på sjukdomen. α_{n11} kan då ges av (3)

$$\alpha_{n1j} = g_j \cdot a_1 \cdot b_1 \frac{(1 - k_1) X_{(n,j+1)}}{\sum_{k=1}^5 X_{(n,k)}} \quad (3)$$

Där

- a_1 = Antalet partner en kvinna har per år ≈ 0.121
- b_1 = Risken för en kvinna att bli smittad vid samlag med en smittad man ≈ 0.5057
- k_1 = Andelen män som är homosexuella ≈ 0.015 .

Skillnaderna mellan män och kvinnor är i detta inte stor, detta ger att $\alpha_{n21} = \alpha_{n11}$ fast med

- a_2 = Antalet partner en man har per år ≈ 0.1947
- b_2 = Risken för en man att bli smittad vid samlag med en smittad kvinna ≈ 0.4943
- k_2 = Andelen kvinnor som är homosexuella ≈ 0.005 .

g_j är "medvetande graden" av en smittad person i stadie j .

Då de personer som befinner sig i fas 2 och 3 med stor sannolikhet inte känner till sin sjukdom, kommer konstanterna α_{n12} vara likamed konstanterna i α_{n11} ($g_j = 1$), på motsvarande sätt kommer konstanterna α_{n22} vara lika med konstanterna i α_{n21} . Då smittan har spridit sig så att personerna i fråga befinner sig i det tredje och framförallt det fjärde stadiet. Har symptomerna av smittan börjat göra sig gällande. Detta gör att dessa personer med stor sannolikhet känner till sin smitta och p.g.a. detta inte utsätter sina medmänniskor för likastora risker.

Detta ger att g_j termen i α_{n13} är < 1 . I det fjärde stadiet ger samma resonemang att g_j termen $\ll 1$.

Nu har vi bestämt hur smittan sprids mellan man och kvinna, men smittan kan också spridas från man till man och kvinna till kvinna. Beskrivningen av detta ges av γ termerna i (1) och (2).

Om vi börjar i fallet att en kvinna skulle smitta en kvinna. Detta är högst osannolikt ty det sexuella samlaget mellan två kvinnor inte innebär någon stor smittorisk. Den överföring av smittan som skulle kunna vara möjlig är smitta vid drogmissbruk, men då kvinnor i stor omfattning inte är drogmissbrukare kommer vi att approximera $\gamma_{n1j} = 0$.

Om vi övergår till det mer intressanta fallet då smittan sker från man till man. Den huvudsakliga smittan sker vid sexuelltumgänge och vid drogmissbruk. Detta ger på samma sätt som för ekvation (3) ekvation (4).

$$\gamma_{n2j} = a_2 \cdot h_2 \cdot k_1 \frac{X_{(n,j+1)}}{\sum_{k=1}^5 X_{(n,k)}} + e \cdot f \frac{X_{(n,j+1)}}{\sum_{k=1}^5 X_{(n,k)}} \quad (4)$$

där

- a_2 = Antalet partner en man har per år ≈ 0.1947
- h_2 = Risken för en man att bli smittad vid samlag med en smittad man ≈ 1
- k_1 = Andelen män som är homosexuella ≈ 0.015
- e = Andelen drogmissbrukande män i en population ≈ 0.0005
- f = Risken att bli smittad, vid utbyte av kontaminerad kanyl ≈ 1 .

Nu har vi alltså bestämt de sätt en människa kan bli smittad, nu återstår bara att bestämma hur en människa fortskrider mellan de olika sjukdomsstadierna.

För att beskriva detta förlopp har vi valt en deterministisk modell. Denna bygger på differentialekvationer enligt ekvation (5).

$$\dot{Y}_{(n,j)} = -\nu_{(n,j)} Y_{(n,j)} - \mu_{(n,j)} Y_{(n,j)} + \nu_{(n,j-1)} Y_{(n,j-1)} - c_{(n,j)} Y_{(n,j)} + a_{(n,j)} Y_{(n-1,j)} \quad (5)$$

Alla termer i (5) är bestämda utom $\nu_{(n,j)}$ och $\mu_{(n,j)}$.

$\mu_{(n,j)}$ är bakgrundsödligheten och denna har vi bestämt genom att undersöka dödligheten i en population i en ålderskategori n . Denna är olika i olika ålderskategorier. Storleken för var kan urläsas ur tabell 1.

Ålderskat. (ålder)	$\beta_{(n,j)} 10^{-4}$ (Män)	$\mu_{(n,j)} 10^{-4}$ (Kvinnor)
n=1 (0-5)	7.23	6.15
n=2 (6-14)	1.417	1.149
n=3 (15-24)	2.25	2.35
n=4 (25-39)	4.68	4.59
n=5 (40-55)	19.4	18.25

Tabell 1: Bakgrundsödlighet vid olika åldrar, gällande för män och kvinnor

$\nu_{(n,j)}$ är den term som bestämmer hur många som går från sjukdomsstadie j till stadie $j+1$. Differentialekvationen som beskriver denna övergången är $\dot{y} = -\nu y$, med lösning $y = C e^{-\nu t}$. Vid integration av denna ekvation fås.

$$\int_0^{\infty} C e^{-\nu t} dt = \frac{C}{\nu}$$

Detta är alltså antalet personer som "gått" över på en oändlig tid. Vi vill nu att på tiden τ skall hälften av alla personer gått över, detta ger följande integralekvation

$$\int_0^{\tau} C e^{-\nu t} dt = \frac{C}{2\nu} \quad (6)$$

med lösning

$$\nu = \frac{\ln 2}{\tau}. \quad (7)$$

I det allmänna fallet kan ekvation (3) och (4) skrivas.

$$\alpha_{nij} = g_j \cdot a_i \cdot b_i \frac{(1-k_i) X_{(n,j+1)}}{\sum_{k=1}^5 X_{(n,k)}}$$

$$\gamma_{nij} = a_i \cdot h_i \cdot k_i \frac{X_{(n,j+1)}}{\sum_{k=1}^5 X_{(n,k)}} + e_i \cdot f_i \frac{X_{(n,j+1)}}{\sum_{k=1}^5 X_{(n,k)}}$$

4 Lösning av problemet

För att kunna studera rimligheten i vår modell måste vi studera vad som händer med en population efter en viss tidsperiod. I vår modell tar vi 50 variabler som är kopplade till varandra med ordinära differentialekvationer. Dessa ekvationer är inte linjära, vilket gör att det är svårt att lösa ekvationerna rent analytiskt. Vi är dessutom inte intresserade av jämviktpunkter i lösningen, detta utesluter en lösning i form av linjärisering kring någon stationärpunkt. För att lösa ekvationerna implementerade vi istället modellen i ett MATLAB-program och använde funktioner i MATLAB för att beräkna modellens utveckling under en viss tidsperiod.

För att undersöka om vår modell överhuvudtaget kunde tänkas stämma överens med verkligheten så bestämde vi oss för att starta modellen med begynnelsedata tagna ur verkliga data för Sverige. Vi sökte därför efter data som beskrev hur Sveriges befolkning är fördelad i de åldersgrupper som vi delat upp vår modell i. Då vi funnit denna fördelning så lades de in i en MATLAB-fil och dessa värden skickades sedan in i programmet. Programmet finns bifogad i Bilaga A.

Det tar in den aktuella befolkningsfördelningen samt tidslängden och beräknar hur stor derivatan blir för varje åldersgrupp och returnerar sedan dem. Denna funktion hos programmet är det som behövs för att kunna använda ODE45 för att beräkna resultatet. ODE45 returnerar sedan en matris vars kolonnvektor innehåller antalet individer i varje befolkningsgrupp för olika tider i intervallet. Detta ger oss sedan möjligheten att plotta exempelvis antalet HIV-sjuka i förhållandet till hela befolkningen, antalet kvinnor i förhållande till antalet män o.s.v.

Denna lösning av problemet blev ur beräknings synpunkt mycket bra. Att göra en simulering på 100 år tar mindre än 30s på en någorlunda snabb dator.

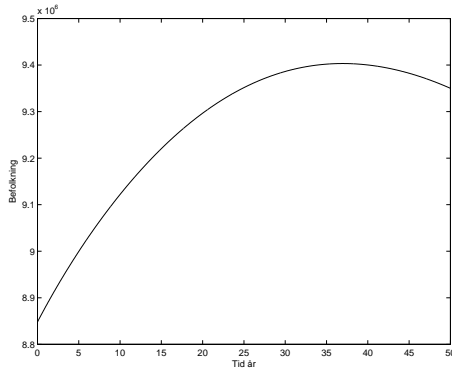
5 Resultat

Vi har valt att köra modellen över två olika tidsintervall 50 och 300 år. Vi valde 50 år för att det motsvarar ungefär den tid som en generation har sexuellt umgänge. Under denna tid förändras inte heller det sociala umgänget inom olika socialagrupper på något markant vis.

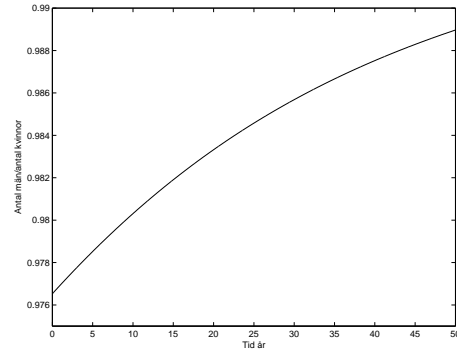
Intervallet på 300 år valde vi för få en bild av hur en fiktiv befolkning skulle utvecklas under lång

tid, då inget görs åt de problem som samhället är utsatt för.

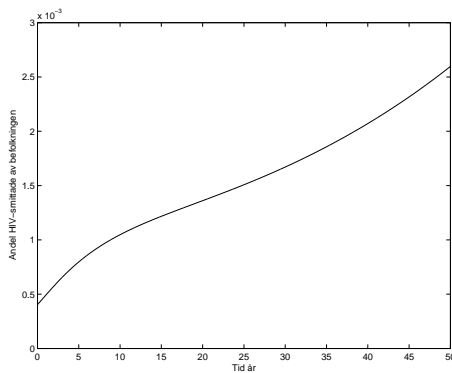
Nedan har vi plottat våra resultat för 50-årsperioden.



Figur 2: Befolkningsutvecklingen under 50år



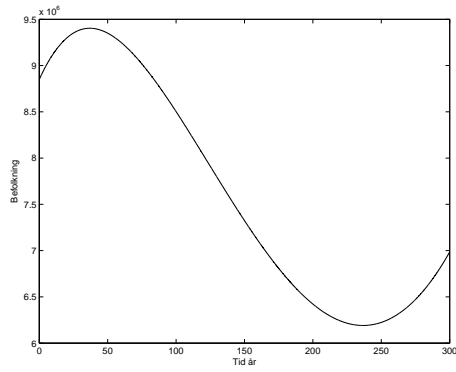
Figur 3: Relationen mellan antalet män och kvinnor under 50 år



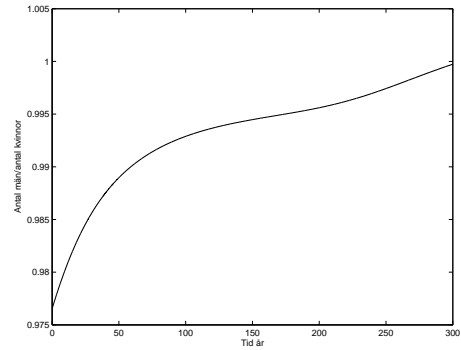
Figur 4: Andelen HIV-smittade i befolkningen under 50 år

Det första som vi reflekterade över var att (då vi använde data till våra begynnelsevärden från 1996), vid en jämförelse med hur befolkningens utveckling utvecklats under 10 år (ur figur 2) och hur befolkningstillväxten varit i Sverige under samma tidsperiod, så stämmer dessa överens. Ur figur 2 kan också urskiljas att befolkningens mängd kommer att öka de första 40 åren för att sedan minska. Detta beror troligtvis på (vilket kan vi urskilja ur figur 4) att antalet smittade ökar stadigt vilket har till följd att inte lika många barn föds. Dessutom dör smittade ofta en för tidig död.

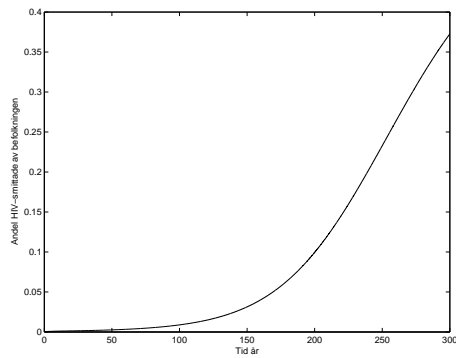
Plottar även nedan utvecklingen under 300 år.



Figur 5: Befolkningsutvecklingen under 300 år



Figur 6: Relationen mellan antalet män och kvinnor under 300 år



Figur 7: Andelen HIV-smittade i befolkningen under 300 år

Vad dessa resultat säger är inte så relevant, men en vidare diskussion sker i kapitel 6.

6 Diskussion

Målet med detta projekt var att vi skulle ställa upp en matematisk modell för att beskriva och simulera utvecklingen av HIV/AIDS i en population. Vi använde oss av en relativt enkel avdelningsmodell indelad i undergrupper för vår totala population med uppdelningen kön/ sjukdomsstadie/ åldersgrupp. Detta eftersom det är en logisk och beprövad modell för sjukdomsmodellering. Vår modell var dessutom baserad på tidssteg om 1 år.

Vi valde att utforma modellen för ett I-land och utgick från Sverige i det att vi tog begynnelsevärdesdata från Statistiska Centralbyrån (för år 1996). Vi bortsåg från effekter av medicinering på vår modell, vilket förmodligen inverkar ganska starkt på vår modells rimlighet, eftersom I-länder har väl utvecklade system för medicinering av HIV/AIDS, och då chansen för att stävja sjukdomens utveckling är ganska hög om medicinering sätts in relativt tidigt. HIV/AIDS-medicin kan dessutom bidra till att smittorisken sänks eftersom halten av HIV-viruset i blodet sänks.

Tonvikten låg på själva modelleringsarbetet och inte först och främst på realism, men självklart är det viktigt att slutresultatet uppvisar någorlunda rimliga resultat. I Resultat-delen visas plottar av den totala befolkningens mängd, andelen män/kvinnor samt andelen smittade av den totala befolkningen mot tiden över ett intervall på 50 respektive 300 år. Simuleringen över 300 år gjorde vi endast av matematiskt intresse, för att undersöka vår modells natur. Ingen sjukdomsmodell kan egentligen förväntas ge pålitliga resultat så långt fram i tiden. Förmodligen kan samma sak

sågas om i stort sett vilket förlopp som helst som är under påverkan av människan, exempelvis socialt förankrade förlopp (såsom då epidemier) eller ekologiska förlopp. Förutsägelser under extremt långa tidsintervall blir på grund av mänsklighetens oberäkneliga natur omöjliga. Om man tar AIDS-epidemin som exempel så bidrar oberäkneligheten hos t.ex. läkemedelsforskningen samt befolkningstillväxten att modellens pålitlighet avtar kraftigt några decennier framåt i tiden.

Referenser

- [1] C. Castillo-Chavez, *Mathematical and statistical approaches to AIDS Epidemiology*, Springer-Verlag, New York, 1990
- [2] Unicef, <http://www.unicef.se/fakta/om_barn/barn_och_aids/>
- [3] Smittskyddsinstitutet, 5 april 2005,
<<http://www.smittskyddsinstitutet.se/SMItemplates/Article.aspx?id=2834>>
- [4] Sida, 24 april 2005, <<http://www.sida.se>>
- [5] UNAIDS, 24 april 2005,
<http://www.unaids.org/wad2004/EPIupdate2004_html_en/epi04_00_en.htm>
- [6] Globalchange Ltd, <<http://www.globalchange.com/ttaa/ttaa%203.htm>>
- [7] National institute of allergy and infections diseases,
<<http://www.niaid.nih.gov/factsheets/hivinf.htm>>
- [8] Wikipedia, the free encyclopedia,
<<http://en.wikipedia.org/wiki/AIDS>>

Bilaga A

```

function deriv=hivmodel(t,x)

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
% Folgende kod beraknar derivatorna utgaende          %
% fran var modell. Modellen innehaller 50 variabler, %
% uppdelade i tio lika storar delar, varje del       %
% motsvarar en aldergrupp.                          %
%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%

xdot=zeros(1,50);

% foljande rader beraknar konstanter som behovs
nummen05=x(1)+x(2)+x(3)+x(4)+x(5);
numfem05=x(6)+x(7)+x(8)+x(9)+x(10);
num05=nummen05+numfem05;
nummen515=x(11)+x(12)+x(13)+x(14)+x(15);
numfem515=x(16)+x(17)+x(18)+x(19)+x(20);
num515=nummen515+numfem515;
nummen1525=x(21)+x(22)+x(23)+x(24)+x(25);
numfem1525=x(26)+x(27)+x(28)+x(29)+x(30);
num1525=nummen1525+numfem1525;
nummen2540=x(31)+x(32)+x(33)+x(34)+x(35);
numfem2540=x(36)+x(37)+x(38)+x(38)+x(40);
num2540=nummen2540+numfem2540;
nummen40=x(41)+x(42)+x(43)+x(44)+x(45);
numfem40=x(46)+x(47)+x(48)+x(49)+x(50);
num40=nummen40+numfem40;
antalpartnerkvinna=0.121/3;
antalpartnerman=0.195/3;
sannolikhetsmittakvinna=0.45;
sannolikhetsmittakvinnaho=0;
sannolikhetsmittaman=0.25;
sannolikhetsmittamanho=1;
andelhomosexuellakvinna=0.005;
andelhomosexuellaman=0.015;
andeldrogmissbrukareman=0.0005;
andeldrogmissbrukarekvinna=0.0005;
kanylsmittrisk=1;
fodslar1525=0.06707;
fodslar2540=0.06707;
% De forsta tio variablerna motsvarar barn 0-5 ar      %
% Modellen innehaller variabler skillda mellan konen %
% , de fem forsta motsvarar man, de fem sista kvinnor %
%manligt kon
xdot(1)=0.501*((x(26)+2/3*(x(27)+x(28)+x(29)+x(30)))*fodslar1525+...
(x(36)+2/3*(x(37)+x(38)+x(39)+x(40)))*fodslar2540); % andringen av antalet friska
xdot(2)=0.501*(1/3*(x(37)+x(38)+x(39)+x(40))*fodslar1525+1/3*(x(37)...
+x(38)+x(39)+x(40))*log(2)/(1/40)*x(2); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(3)=log(2)/(1/40)*x(2)-log(2)/2*x(3); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(4)=log(2)/2*x(3)-log(2)*x(4); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(5)=log(2)*x(4)-0.563*x(5); % andringen av antalet i sista steget av hiv

```

```

%kvinnligt kon
xdot(6)=0.499*( (x(26)+2/3*(x(27)+x(28)+x(29)+x(30)))*fodslar1525+...
  (x(36)+2/3*(x(37)+x(38)+x(39)+x(40)))*fodslar2540); % andringen av antalet friska
xdot(7)=0.499*(1/3*(x(37)+x(38)+x(39)+x(40))*fodslar1525+1/3...
  *(x(37)+x(38)+x(39)+x(40)))-log(2)/(1/40)*x(7); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(8)=log(2)/(1/40)*x(7)-log(2)/2*x(8); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(9)=log(2)/2*x(8)-log(2)*x(9); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(10)=log(2)*x(9)-0.563*x(10); % andringen av antalet i sista steget av hiv

% Nasta aldergrupp ar 5-15
% manligt kon
xdot(11)=0; % andringen av antalet friska
xdot(12)=-log(2)/(1/12)*x(12); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(13)=log(2)/(1/12)*x(12)-log(2)/10*x(13); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(14)=log(2)/2*x(13)-log(2)/5*x(14); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(15)=log(2)/5*x(14)-0.563*x(15); % andringen av antalet i sista steget av hiv

% kvinnligt kon
xdot(16)=0; % andringen av antalet friska
xdot(17)=-log(2)/(1/12)*x(17); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(18)=log(2)/(1/12)*x(17)-log(2)/10*x(18); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(19)=log(2)/2*x(18)-log(2)/5*x(19); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(20)=log(2)/5*x(19)-0.563*x(20); % andringen av antalet i sista steget av hiv

% Nasta aldergrupper ar 15-25 ar
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland kvinnor 15-25 genom hetorsexuella kontakter
alpha31=antalpartnerkvinna*sannolikhetsmittakvinna*(1-andelhomosexuellakvinna)*(x(22)+...
  x(23)+x(24))/nummen1525;
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland kvinnor 15-25 genom homosexuella kontakter
alpha32=antalpartnerkvinna*sannolikhetsmittakvinnahomosexuellakvinna*(x(27)+x(28)+...
  x(29))/numfem1525+andeldrogmissbrukarekvinna*kanylsmittrisk*...
  (x(27)+x(28)+x(29))/numfem1525;
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland män 15-25 genom hetorsexuella kontakter
beta31=antalpartnerman*sannolikhetsmittaman*(1-andelhomosexuellaman)*(x(27)+x(28)+x(29))...
  /numfem1525;
% Konstant som anger hur många som smittas varje år bland män 15-25 genom homosexuella kontakter
beta32=antalpartnerman*sannolikhetsmittamanhomosexuellaman*(x(22)+x(23)+x(24))...
  /nummen1525+andeldrogmissbrukareman*kanylsmittrisk*(x(22)+x(23)+x(24))/nummen1525;

% manligt kon
xdot(21)=-beta31+beta32)*x(21); % andringen av antalet friska
xdot(22)=(beta31+beta32)*x(21)-log(2)/(1/12)*x(22); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(23)=log(2)/(1/12)*x(22)-log(2)/10*x(23); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(24)=log(2)/2*x(23)-log(2)/5*x(24); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(25)=log(2)/5*x(24)-0.563*x(25); % andringen av antalet i sista steget av hiv

% kvinnligt kon
xdot(26)=-alpha31+alpha32)*x(26); % andringen av antalet friska
xdot(27)=(alpha31+alpha32)*x(26)-log(2)/(1/12)*x(27); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(28)=log(2)/(1/12)*x(27)-log(2)/10*x(28); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(29)=log(2)/2*x(28)-log(2)/5*x(29); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(30)=log(2)/5*x(29)-0.563*x(30); % andringen av antalet i sista steget av hiv

```

```

%Nasta aldergrupp ar 25-40 ar
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland kvinnor 25-40 genom hetorsexualla kontakter
alpha41=antalpartnerkvinna*sannolikhetsmittakvinna*(1-andelhomosexuellakvinna)...
*(x(32)+x(33)+x(34))/nummen2540;
% Konstant som anger hur många som smittas varje år bland kvinnor 15-25 genom homosexuella kontakter
alpha42=antalpartnerkvinna*sannolikhetsmittakvinnaho*andelhomosexuellakvinna*(x(37)+x(38)+x(39))...
/numfem2540+andeldrogmissbrukarekvinna*kanylsmittrisk*(x(37)+x(38)+x(39))/numfem2540;
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland män 15-25 genom hetorsexualla kontakter
beta41=antalpartnerman*sannolikhetsmittaman*(1-andelhomosexuellaman)...
*(x(37)+x(38)+x(39))/numfem2540;
% Konstant som anger hur många som smittas varje år bland män 15-25 genom homosexuella kontakter
beta42=antalpartnerman*sannolikhetsmittamanho*andelhomosexuellaman*(x(32)+x(33)+x(34))...
/nummen2540+andeldrogmissbrukareman*kanylsmittrisk*(x(32)+x(33)+x(34))/nummen2540;

% manligt kon
xdot(31)=- (beta41+beta42)*x(31); % andringen av antalet friska
xdot(32)=(beta41+beta42)*x(31)-log(2)/(1/12)*x(32); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(33)=log(2)/(1/12)*x(32)-log(2)/10*x(33); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(34)=log(2)/2*x(33)-log(2)/5*x(34); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(35)=log(2)/5*x(34)-0.563*x(35); % andringen av antalet i sista steget av hiv

% kvinnligt kon
xdot(36)=- (alpha41+alpha42)*x(36); % andringen av antalet friska
xdot(37)=(alpha41+alpha42)*x(36)-log(2)/(1/12)*x(37); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(38)=log(2)/(1/12)*x(37)-log(2)/10*x(38); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(39)=log(2)/2*x(38)-log(2)/5*x(39); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(40)=log(2)/5*x(39)-0.563*x(40); % andringen av antalet i sista steget av hiv

%Nasta aldergrupp ar 40- ar
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland kvinnor 15-25 genom hetorsexualla kontakter
alpha51=antalpartnerkvinna*sannolikhetsmittakvinna*(1-andelhomosexuellakvinna)*...
(x(42)+x(43)+x(44))/nummen40;
% Konstant som anger hur många som smittas varje år bland kvinnor 15-25 genom homosexuella kontakter
alpha52=antalpartnerkvinna*sannolikhetsmittakvinnaho*andelhomosexuellakvinna*...
(x(47)+x(48)+x(49))/numfem40+andeldrogmissbrukarekvinna*kanylsmittrisk*...
(x(47)+x(48)+x(49))/numfem40;
%Konstant som anger hur många som smittas varje år bland män 15-25 genom hetorsexualla kontakter
beta51=antalpartnerman*sannolikhetsmittaman*(1-andelhomosexuellaman)*...
(x(47)+x(48)+x(49))/numfem40;
% Konstant som anger hur många som smittas varje år bland män 15-25 genom homosexuella kontakter
beta52=antalpartnerman*sannolikhetsmittamanho*andelhomosexuellaman*(x(42)+...
x(43)+x(44))/nummen40+andeldrogmissbrukareman*kanylsmittrisk*(x(42)+x(43)+x(44))/nummen40;

% manligt kon
xdot(41)=- (beta51+beta52)*x(41); % andringen av antalet friska
xdot(42)=(beta51+beta52)*x(41)-log(2)/(1/12)*x(42); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(43)=log(2)/(1/12)*x(42)-log(2)/10*x(43); % andringen av antalet i steg tva av hiv
xdot(44)=log(2)/2*x(43)-log(2)/5*x(44); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(45)=log(2)/5*x(44)-0.563*x(45); % andringen av antalet i sista steget av hiv

% kvinnligt kon
xdot(46)=- (alpha51+alpha52)*x(46); % andringen av antalet friska
xdot(47)=(alpha51+alpha52)*x(46)-log(2)/(1/12)*x(47); % andringen av antalet i steg 1 av hiv
xdot(48)=log(2)/(1/12)*x(47)-log(2)/10*x(48); % andringen av antalet i steg tva av hiv

```

```
xdot(49)=log(2)/2*x(48)-log(2)/5*x(49); % andringen av antalet i steg tre av hiv
xdot(50)=log(2)/5*x(49)-0.563*x(50); % andringen av antalet i sista steget av hiv
```

```
%Följande kod flyttar över en viss del av varje åldersgrupp till nästa,
%först initsieras de olika åldergruppernas längder
```

```
langd=ones(1,4);
langd(1)=5;
langd(2)=10;
langd(3)=10;
langd(4)=15;
for i=0:4
    for j=0:3
        % Andel som flyttas från en grupp till en annan män
        xdot(j*10+i+1)=xdot(j*10+i+1)-x(j*10+i+1)/langd(j+1);
        % Andel som flyttas från en grupp till en annan kvinnor
        xdot(j*10+i+6)=xdot(j*10+i+6)-x(j*10+i+6)/langd(j+1);
    end
    for j=1:4
        % Andel som flyttas till en grupp från en annan män
        xdot(j*10+i+1)=xdot(j*10+i+1)+x((j-1)*10+i+1)/langd(j);
        % Andel som flyttas från en grupp till en annan kvinnor
        xdot(j*10+i+6)=xdot(j*10+i+6)+x((j-1)*10+i+6)/langd(j);
    end
end
```

```
%Följande kod tar bort en viss del av populationen pga bakgrundsöd först
%initsieras bakgrundsödskonstanter
```

```
dodman=zeros(1,5);
dodkvin=zeros(1,5);
dodman(1)=7.23e-4; %0-5 år
dodman(2)=1.42e-4; %5-15 år
dodman(3)=2.25e-4; %15-25 år
dodman(4)=4.68e-4; %25-40 år
dodman(5)=0.0139; %40 år
dodkvin(1)=6.15e-4;%0-5 år
dodkvin(2)=1.15e-4;%5-15 år
dodkvin(3)=2.35e-4;%15-25 år
dodkvin(4)=4.59e-4;%25-40 år
dodkvin(5)=0.0138; %40 år
for j=0:4
    for i=0:4
        xdot(10*j+i+1)=xdot(10*j+i+1)-dodman(j+1)*x(10*j+i+1); %män
        xdot(10*j+i+6)=xdot(10*j+i+6)-dodkvin(j+1)*x(10*j+i+6);%kvinnor
    end
end
end
deriv=xdot';
```

Redovisar nedan alla startvärden.

```
function startahivmodell(tmax)
startfordelning=zeros(1,50);
%Här läggs startvärdena in
%Pojkar 0-5 år
startfordelning(1)=347230;
startfordelning(2)=1;
startfordelning(3)=7;
```



```
startfordelning(4)=2;
startfordelning(5)=0;
%Flickor 0-5 år
startfordelning(6)=330084;
startfordelning(7)=0;
startfordelning(8)=7;
startfordelning(9)=2;
startfordelning(10)=1;
%Pojkar 5-15 år
startfordelning(11)=465534;
startfordelning(12)=1;
startfordelning(13)=12;
startfordelning(14)=6;
startfordelning(15)=1;
%Flickor 5-15 år
startfordelning(16)=478588;
startfordelning(17)=1;
startfordelning(18)=12;
startfordelning(19)=6;
startfordelning(20)=2;
%Män 15-25 år
startfordelning(21)=546157;
startfordelning(22)=1;
startfordelning(23)=106;
startfordelning(24)=53;
startfordelning(25)=13;
%Kvinnor 15-25 år
startfordelning(26)=522965;
startfordelning(27)=1;
startfordelning(28)=105;
startfordelning(29)=53;
startfordelning(30)=13;
%Män 25-40 år
startfordelning(31)=879837;
startfordelning(32)=5;
startfordelning(33)=581;
startfordelning(34)=290;
startfordelning(35)=70;
%Kvinnor 25-40 år
startfordelning(36)=897896;
startfordelning(37)=5;
startfordelning(38)=581;
startfordelning(39)=290;
startfordelning(40)=70;
%Män 40- år
startfordelning(41)=2130959;
startfordelning(42)=3;
startfordelning(43)=363;
startfordelning(44)=182;
startfordelning(45)=88;
%Kvinnor 40- år
startfordelning(46)=2245249;
startfordelning(47)=3;
startfordelning(48)=363;
```

```
startfordelning(49)=181;
startfordelning(50)=88;

%följande kod gör att man kan simulera utan sjuka
% for i=0:4
%     for j=2:5
%         startfordelning(i*10+j)=0;
%         startfordelning(i*10+j+5)=0;
%     end
% end

f=@hivmodel;
[t,X]=ode45(f,[0 tmax],startfordelning);

Y=X(:,1)*0;
for i=0:9
    for j=2:5
        Y=Y+X(:,5*i+j);
    end
end
Z=X(:,1)*0;
for i=1:50
    Z=Z+X(:,i);
end
plot(t,Y./Z);
figure;
plot(t,Z);
figure;
kvin=X(:,1)*0;
man=kvin;
for i=0:4
    for j=1:5
        man=man+X(:,(i*10+j));
        kvin=kvin+X(:,(i*10+j+5));
    end
end
plot(t,man./kvin)
```