

P.C.T.O. EPI.SIM
I.I.S. GIORGI-WOOLF, L.S.S. GRASSI, L.S.S. LEVI CIVITA

ANNO SCOLASTICO 2020/2021



Eugenio Montefusco
eugenio.montefusco@uniroma1.it
Dipartimento di Matematica
Sapienza università di Roma
piazzale Aldo Moro 5 00185 Roma

Queste note costituiscono la base di una collaborazione nell'ambito dei PCTO (Percorsi per le Competenze Trasversali e l'Orientamento) tra gli istituti LSS Grassi, LSS Levi-Civita, IIS Giorgi-Woolf e Sapienza università di Roma.
Desidero ringraziare i dirigenti scolastici professori Elena Tropea, Sergio Arizzi e Francesco Verderosa e i professori Rita Polselli, Gerardo Duni e Gualtiero Grassucci per la collaborazione fattiva e l'estrema gentilezza e pazienza nei miei confronti...

INDICE

Contenuti previsti	1
1. (de)Crescita esponenziale	3
1.1. La dinamica delle popolazioni	3
1.2. La crescita malthusiana	4
1.3. Proposte di esperimenti	7
1.4. Considerazioni conclusive sulla crescita malthusiana	9
2. Un pizzico di realismo	10
2.1. La crescita logistica	10
2.2. Un primo modello epidemiologico	12
3. una parentesi biologica/informatica	14
3.1. I virus	14
3.2. Modelli e matematica	15
3.3. Osservazioni di carattere informatico	16
4. Modelli per l'epidemiologia	17
4.1. Il modello SIR	17
4.2. Parametri notevoli di un'epidemia	26
5. Altri approfondimenti	28
5.1. Il modello SIR endemico	28
5.2. Il modello VSIR	32
5.3. Variazioni sul modello VSIR	35
5.4. Popolazioni non in equilibrio	35
5.5. Progetti di lavoro	35
5.6. Popolazioni non costanti	36
6. Una parentesi (molto) matematica	37

6.1. L'induzione	37
6.2. Concetti e definizioni	37
6.3. Alcuni risultati sulle successioni	38
Riferimenti bibliografici	39
7. Riunioni	39
7.1. LSS G.B. Grassi	39
7.2. LSS T. Levi Civita	39
7.3. IIS Giorgi-Woolf	39

1. (DE)CRESCITA ESPONENZIALE

1.1. La dinamica delle popolazioni. Una popolazione (biologica) è un gruppo di organismi appartenenti alla stessa specie, diffuso in una determinata area geografica. La popolazione costituisce l'unità di base dell'evoluzione.

Le popolazioni non sono unità statiche, ma sono soggette a continue modificazioni e la loro dinamica viene determinata da fattori come nascite, morti oppure spostamenti (emigrazione ed immigrazione) o mutazioni di qualche tipo. Ogni singola popolazione tenderebbe ad accrescersi all'infinito se non intervenissero elementi che limitano questa propensione: malattie, condizioni ambientali avverse, predazione o parassitismo da parte di altre specie, competizione con organismi appartenenti a specie diverse e altro ancora.

In generale la dinamica delle popolazioni è lo studio dei cambiamenti di una (o più popolazioni) nel numero di individui, nella loro distribuzione spaziale, nella struttura interna, nelle interazioni tra più popolazioni e anche dei processi biologici e ambientali che influenzano questi cambiamenti. Naturalmente non affronteremo tutti questi temi, ma, cercando di mantenere il lavoro ad un livello di complessità compatibile con gli scopi di questo laboratorio matematico, proveremo ad presentare alcuni aspetti interessanti di questa parte delle scienze.

In questi brevi appunti cercheremo di affrontare gli aspetti della dinamica delle popolazioni legati all'epidemiologia, privilegiando un approccio di carattere numerico e sperimentale. Concretamente introdurremo alcuni modelli matematici relativamente semplici che costituiscono le basi dei contributi matematici alla epidemiologia e, tramite simulazioni al computer, cercheremo di coglierne i caratteri distintivi, le informazioni utili che producono e i limiti intrinseci che possiedono.

Probabilmente la nascita dello studio della dinamica delle popolazioni, almeno da un punto di vista quantitativo, nasce con il lavoro *An essay of the principle of the population as it affects the future improvement of society* di T.R. Malthus.



Thomas Robert Malthus (nato a The Rookery il 13 febbraio 1766 e spirato a Bath nel giorno 23 dicembre 1834) fu il settimo figlio di Daniel Malthus ed Henrietta Catherine Graham. Malthus nacque in una famiglia benestante, suo padre Daniel pare fosse un amico personale del filosofo David Hume e aveva contatti con Jean-Jacques Rousseau. Il giovane Malthus fu educato a casa fino alla sua ammissione al Jesus College dell'Università di Cambridge nel 1784. Lì studiò molte materie e vinse premi in declamazione inglese, latino e greco, anche se la sua materia preferita era la matematica. Si laureò nel 1791 e nel 1797 fu ordinato pastore anglicano.

Malthus si sposò nel 1804 ed ebbe 3 figli. Nel 1805 iniziò

la carriera di professore di economia politica presso l'università di Hailyebury, dove rimase fino alla morte.

Nel saggio citato Malthus sostiene che l'incremento demografico avrebbe spinto a coltivare terre sempre meno fertili, con conseguente penuria di generi di sussistenza per giungere all'arresto dello sviluppo economico. La causa principale di questo incremento demografico risiede nel fatto che la popolazione tenderebbe a crescere in progressione geometrica, quindi più velocemente della disponibilità di alimenti,

che crescerebbero invece seguendo una progressione aritmetica. Le sue osservazioni scaturiscono dallo studio delle colonie inglesi del New England, dove la disponibilità illimitata (nel senso di notevolmente abbondante) di nuova terra fertile permetteva uno sviluppo "naturale" della popolazione cioè ad un ritmo esponenziale. Invece, dove ciò non si verifica, si presentano periodiche carestie e conseguenti epidemie. La teoria demografica di Malthus ispirò la corrente del malthusianesimo che sostiene il ricorso al controllo delle nascite per impedire l'impoverimento dell'umanità. La sua teoria demografica è andata, ovviamente, incontro a molte critiche da economisti che non hanno accettato sia le sue premesse che le sue deduzioni.

Malthus introdusse anche il concetto di salario di sussistenza, cioè il livello medio del salario necessario per soddisfare le esigenze ritenute fondamentali. L'influenza delle teorie di Malthus furono molto alte: riflessioni degli economisti britannici John Maynard Keynes o David Ricardo dipendono dal lavoro del nostro. L'idea di Malthus della "lotta per la sopravvivenza" dell'uomo ebbe anche una influenza sia su Charles Darwin che su Alfred Russel Wallace per la formulazione delle loro teorie evoluzioniste, teorie che vennero riprese ed estese a vari contesti psicologici, sociali e morali da Herbert Spencer.

1.2. La crescita malthusiana. Il presupposto alla base degli argomenti di Malthus è che la natalità e la mortalità di una popolazione biologica sono direttamente proporzionali alla popolazione stessa. Questa ipotesi è ragionevole solo in casi molto particolari come, per esempio, una popolazione di batteri non troppo numerosa in un ambiente chiuso ricco di nutrienti e, in ogni caso, il modello che ne risulta è poco più di una drastica schematizzazione della realtà.

Decidiamo di indicare la quantità di individui della popolazione, che stiamo studiando, al tempo t con la scrittura $X(t)$. Quindi, la scrittura indica la quantità della popolazione e il tempo a cui il numero si riferisce, a volte penseremo il tempo come l'input che forniamo alla legge X per ottenere la numerosità della popolazione $X(t)$ come output. Per poter gestire queste idee con un calcolatore risulta più semplice discretizzare il problema e introdurre una unità di misura per il tempo $h = \Delta t > 0$, e (con un abuso di notazione) porre $X(k) = X(kh)$ ovvero la popolazione all'istante k (rispetto all'unità scelta). Nel modello cercheremo di descrivere le variazioni del numero di individui che compongono la popolazione X a intervalli di tempo h .

La discussione fatta da Malthus si basa sull'ipotesi che la variazione della numerosità della popolazione sia legata esclusivamente alla parte della popolazione che "passa a miglior vita" (contributo negativo) e alla parte che si riproduce (contributo positivo). Supponendo che tali contributi siano direttamente proporzionali alla popolazione, cioè che ci sia una percentuale fissa di individui che muore e una percentuale fissa di individui che si moltiplica in ogni intervallo temporale h , otteniamo il seguente modello

$$\begin{aligned} [X(k+1) - X(k)] &= [X(k + \Delta t) - X(k)] = [\delta X(k) - \mu X(k)]\Delta t \\ &= [\delta X(k) - h\mu X(k)]h = h\sigma X(k) \end{aligned}$$

dove abbiamo posto $\sigma = (\delta - \mu) \in \mathbb{R}$.

La costante $0 \leq \delta \leq 1$ è un parametro reale che esprime la frazione, la percentuale (cioè un numero appartenente all'intervallo $[0, 1]$) della popolazione che si riproduce istantaneamente, invece $\mu \in [0, 1]$ indica la frazione della popolazione che cessa

di esistere. Di conseguenza la costante risultante σ indica il tasso netto di crescita (o decrescita, a seconda del suo segno) della popolazione. Ovviamente questa è una ipotesi molto forte e molto restrittiva, che caratterizza il modello. Il fatto che le percentuali di natalità e mortalità siano costanti, immutabili rispetto alla variabile tempo è, chiaramente, una ipotesi poco verosimile.

Riscrivendo un poco meglio la precedente relazione possiamo riassumere la descrizione del sistema, prevista dal nostro modello, nel seguente modo

$$\begin{cases} X(k+1) = (1+h\sigma)X(k) \\ X(0) = X_0 \end{cases}$$

Di fatto il sistema è composto da due oggetti: la prima riga contiene una legge che permette di ricavare lo stato del sistema (cioè la numerosità della popolazione) all'istante $(k+1)$ conoscendo il sistema all'istante precedente e quindi descrive la legge dell'evoluzione del sistema, invece la seconda riga del sistema contiene l'informazione sullo stato del sistema ad un certo momento, che assumiamo essere l'istante iniziale $k=0$. Si noti che X_0 è una misurazione della popolazione che deve essere fatta all'inizio dell'esperimento, invece la costante σ rappresenta il tasso netto di crescita della popolazione, cioè la differenza tra natalità e mortalità (rispetto all'unità temporale h), che abbiamo supposto essere costanti rispetto al tempo.

A questo punto possiamo fare alcune osservazioni

i. Se $X_0 = 0$, allora $X(k) = 0$, per ogni $k \in \mathbf{N}$, è soluzione del sistema, questo significa che se la popolazione non esiste, il modello produce la conclusione che la popolazione continuerà a non esistere.

ii. Se $X_0 > 0$ possiamo ragionare per iterazione e scrivere che

$$\begin{aligned} X(1) &= (1+h\sigma)X(0) = (1+\sigma)X_0 \\ X(2) &= (1+h\sigma)X(1) = (1+h\sigma) \cdot (1+h\sigma)X_0 = (1+h\sigma)^2 X_0 \\ X(3) &= (1+h\sigma)X(2) = (1+h\sigma) \cdot (1+h\sigma)^2 X_0 = (1+h\sigma)^3 X_0 \\ &\dots\dots \\ X(k) &= (1+h\sigma)X(k-1) = (1+h\sigma) \cdot (1+h\sigma)X(k-2) = (1+h\sigma)^2 X(k-2) \\ &= (1+h\sigma)^2 \cdot (1+h\sigma)X(k-3) = \dots = (1+h\sigma)^k X(0) = (1+h\sigma)^k X_0 \end{aligned}$$

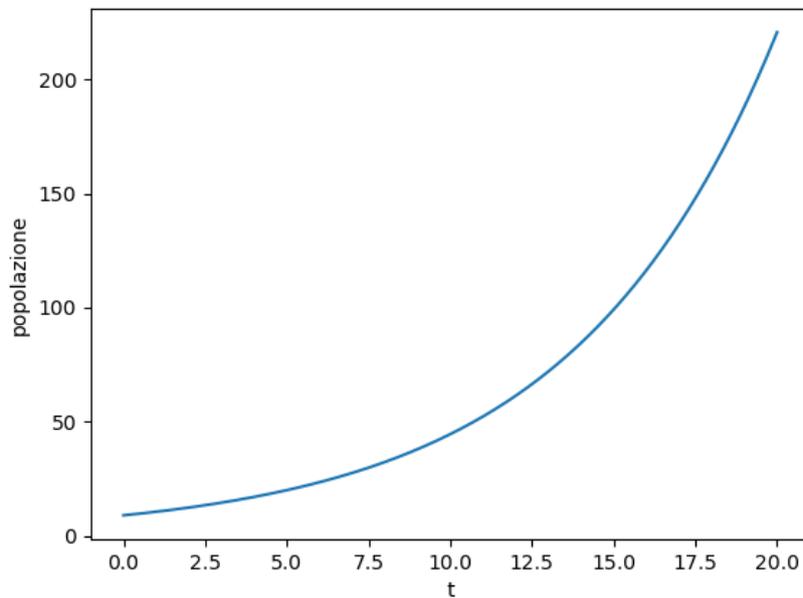
riassumendo abbiamo ricavato la formula

$$X(k) = (1+h\sigma)^k X_0$$

che è l'espressione della soluzione esplicita del modello proposto da Malthus per lo studio della crescita di una popolazione con tasso di crescita costante. Notiamo anche che se $\sigma < 0$ la popolazione diminuisce esponenzialmente, ed è quindi votata all'estinzione, dal punto di vista della biologia.

Tale espressione può essere calcolata effettivamente tramite un calcolatore e un applicativo (un foglio di calcolo, per esempio, o tramite un linguaggio di programmazione vero e proprio). Cercheremo, nel corso di questo progetto, di proporre ed incoraggiare esperimenti di carattere numerico, al fine di illustrare i risultati ottenuti e di cercare soluzioni a problemi collegati.

Avendo una formula chiusa, cioè un'espressione esplicita che ad ogni valore della misura temporale k restituisce il valore della numerosità della popolazione, è possibile far disegnare al calcolatore il grafico della popolazione, per esempio se $\sigma > 0$ si ottengono grafici tipo il seguente



In termini più matematici la crescita della popolazione risulta essere una funzione esponenziale ed esprime il principio che una popolazione che si trova in un ambiente caratterizzato da quantità praticamente illimitate di risorse e di spazio si riproduce ad un tasso direttamente proporzionale al numero di individui presenti. Riportiamo, a questo punto, alcune righe di codice python che vogliono offrire la possibilità di effettuare qualche esperimento numerico in autonomia.

```
import numpy
import matplotlib.pyplot
n = 10000
T = 20.00
X0 = 9
mu = 0.42
delta = 0.58
h = T/float(n)
t = numpy.linspace(0, T, n+1)
X = numpy.zeros(n+1)

for k in range(n):
    X[0] = X0
    X[k+1] = X[k] +h*(delta-mu)*X[k]

matplotlib.pyplot.plot(t[:],X[:])
matplotlib.pyplot.xlabel('t')
matplotlib.pyplot.ylabel('popolazione')
matplotlib.pyplot.show()
```

1.3. **Proposte di esperimenti.** Proponiamo un paio di esperimenti (da fare al calcolatore possibilmente) per mettersi alla prova e per capire come gli strumenti informatici possano diventare un utile sostegno alle nostre capacità di calcolo e di immaginazione.

Esperimento 1.1. Si compiano alcuni tentativi per capire quali grafici si possono ottenere variando i valori di X_0 , δ e μ e si provi a completare l'enunciato del seguente teorema proponendo cosa inserire al posto dei puntini di sospensione:

Se allora la popolazione X si estingue.

Esperimento 1.2. Si provi a descrivere, usando il linguaggio matematico introdotto nelle pagine precedenti, la seguente situazione: si deposita una quantità di denaro in banca, la quale ci versa un certo interesse annuale a fronte di un canone di utilizzo annuale fisso. Determinare l'andamento del deposito in banca, pensando che non ci siano ulteriori movimenti di contante.

Discussione del problema dell'esperimento 1.1

Spesso nella ricerca scientifica si incontrano problemi di questo tipo: sotto quali condizioni, ipotesi posso ottenere una certa situazione? in questo caso ci stiamo chiedendo quali ipotesi producono l'estinzione di una popolazione, che segua esattamente il modello di Malthus.

Dalla discussione precedente sappiamo che il modello descrive l'andamento di una popolazione con la seguente formula matematica

$$X(k) = (1 + \sigma)^k X_0 \quad k \in \mathbb{N}$$

ed è facile notare che se $(1 + \sigma) > 1$ allora $X(k+1) > X(k)$, cioè la popolazione aumenta, mentre diminuisce se (e solo se) vale che

$$(1 + \sigma) < 1 \quad \text{che equivale a} \quad \sigma = (\delta - \mu) < 0 \quad \text{cioè} \quad \delta < \mu$$

La relazione trovata si presta ad una interpretazione molto ragionevole: una popolazione si estingue se (per un tempo sufficientemente lungo) la mortalità supera la natalità.

Un interessante problema collegato a questi discorsi, ma più difficile del precedente, è di stimare, valutare il tempo di estinzione della popolazione, cioè quanto tempo è necessario affinché una popolazione che segue le legge di Malthus si estingua. Il calcolo di questo tempo equivale a chiedersi per quali k la seguente disequazione è vera

$$X(k) = (1 + \sigma)^k X_0 \leq 1$$

Tali problemi ci condurrebbero all'introduzione dei logaritmi, che eviteremo accuratamente... :)

Discussione del problema dell'esperimento 1.2

Cominciamo supponendo (molto ipoteticamente) di avere una certa disponibilità di denaro e di volerla depositare in una banca. Naturalmente siamo fortemente interessati a capire il meccanismo con cui la banca tutela i nostri interessi e gestisce i nostri soldi. In particolare vogliamo sapere qual è il tasso di interesse che la banca ci offre, cioè in che percentuale il capitale versato aumenta allo scadere del periodo concordato a causa degli interessi. Nel seguito indicheremo il tasso d'interesse, cioè la percentuale di crescita del capitale, con la costante reale γ . Inoltre, almeno in

prima battuta, supponiamo che dopo il versamento iniziale α non ci siano più movimenti da parte nostra e che il conto corrente sia puramente ideale, cioè che non ci siano canoni e/o spese bancarie che gravino sui nostri soldi...

Da quanto detto abbiamo che allo scadere del periodo stabilito con la banca vengono aggiunti dei soldi ai nostri averi in quantità proporzionale al deposito presente sul conto: questo significa che se chiamo $C(n)$ i soldi in banca dopo n periodi abbiamo la seguente relazione

$$C(n+1) - C(n) = \gamma C(n)$$

Questa è chiaramente una legge che determina univocamente il valore del nostro conto, non appena sia noto il capitale posseduto alla scadenza precedente. Dalla precedente discussione abbiamo ricavato il seguente modello

$$(1.1) \quad \begin{cases} C(n+1) = (1 + \gamma)C(n) \\ C(0) = \alpha \end{cases}$$

dove $\alpha > 0$ e $0 < \gamma < 1$, da cui possiamo provare a descrivere la dinamica del nostro capitale. Con un po' di attenzione non dovrebbe essere difficile convincersi del fatto che l'equazione ottenuta è la stessa della crescita malthusiana (ovviamente ci sono delle differenze nelle lettere usate). Quindi dal lavoro fatto precedentemente è facile ricavare per (1.1) la seguente legge chiusa

$$C(n) = (1 + \gamma)^n \alpha$$

da questo, ricordando che $\alpha > 0$, abbiamo che $C(n)$ è una legge crescente che tende a $+\infty$. In generale, per il sistema dinamico definito da (1.1), possiamo concludere che il nostro capitale aumenta indefinitamente: quindi si può diventare arbitrariamente ricchi! Naturalmente questo sogno è realizzabile a patto di trovare una banca ideale e di saper attendere un po' di tempo...

Volendo considerare l'effetto del canone annuale dobbiamo considerare il seguente sistema dinamico discreto

$$(1.2) \quad \begin{cases} C(n+1) - C(n) = \gamma C(n) - \sigma \\ C_0 = \alpha \end{cases}$$

con $\alpha, \sigma > 0$ e $0 < \gamma \leq 1$. Naturalmente il termine σ quantifica il canone annuale del conto corrente. Tale modello è un'evoluzione del modello precedente e vogliamo

- i. determinare tutte le soluzioni stazionarie,
- ii. determinarne il bacino di attrazione,
- iii. provare che la successione è monotona, per ogni $\alpha \in \mathbb{R}$,
- iv. calcolare esplicitamente la soluzione e determinare il suo comportamento asintotico.

Partendo dalle considerazioni generali fatte osserviamo subito che l'aggiunta del termine $-\sigma$ implica la comparsa di una soluzione stazionaria che per (1.1) era la soluzione nulla.

Per avere una espressione chiusa per la soluzione come fatto prima, bisogna faticare un po' di più, però tale formula esaurirebbe la discussione...

Procedendo per iterazione si può dimostrare che

$$C(n) = (1 + \gamma)^n \alpha - \left[\sum_{k=0}^{n-1} (1 + \gamma)^k \right] \sigma$$

dove risulta lampante l'effetto frenante della tassazione! In particolare non è più ovvio che ci si possa arricchire a volontà partendo da un capitale qualsiasi! Cercare di semplificare la formula ottenuta non è banale e richiede un po' di lavoro, scrivendo $w = (1 + \gamma)$ ed osservando che $w \neq 1$, (cioè che $(w - 1) \neq 0$), possiamo svolgere alcuni calcoli e mostrare (per ogni $n \in \mathbf{N}$) la seguente interessante identità

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^{n-1} (1 + \gamma)^k &= \sum_{k=0}^{n-1} w^k = 1 + w + w^2 + w^3 + \dots + w^{n-1} \\ &= \left[1 + w + w^2 + w^3 + \dots + w^{n-1} \right] \frac{w - 1}{w - 1} \\ &= \frac{1}{w - 1} \left[w + w^2 + \dots + w^n - 1 - w - \dots - w^{n-1} \right] \\ &= \frac{w^n - 1}{w - 1} = \frac{(1 + \gamma)^n - 1}{(1 + \gamma) - 1} = \frac{1}{\gamma} [(1 + \gamma)^n - 1] \end{aligned}$$

Usando la relazione appena dimostrata otteniamo che

$$\begin{aligned} C(n) &= (1 + \gamma)^n \alpha - \frac{(1 + \gamma)^n - 1}{(1 + \gamma) - 1} \sigma = (1 + \gamma)^n \alpha + \frac{1 - (1 + \gamma)^n}{\gamma} \sigma \\ &= (1 + \gamma)^n \alpha - \frac{(1 + \gamma)^n}{\gamma} \sigma + \frac{\sigma}{\gamma} = (1 + \gamma)^n \left[\alpha - \frac{\sigma}{\gamma} \right] + \frac{\sigma}{\gamma} \end{aligned}$$

il che ci permette di tirare le seguenti conclusioni

- i. se $\alpha > \sigma/\gamma$ tutto è analogo al caso precedente, il nostro capitale cresce come se non ci fossero spese e il deposito iniziale fosse $(\alpha - \sigma/\gamma)$,
- ii. se $\alpha = \sigma/\gamma$ la dinamica è stazionaria: il nostro capitale non frutta e non si disperde (ovviamente stiamo trascurando gli effetti dell'inflazione),
- iii. se $\alpha < \sigma/\gamma$ presto il nostro conto andrà in rosso, e la banca applicherà ben altri tassi d'interesse... ma questa è un'altra storia!

1.4. Considerazioni conclusive sulla crescita malthusiana. Cosa possiamo dire per concludere queste poche pagine in cui abbiamo introdotto e discusso il modello di Malthus? Sicuramente questo modello è ampiamente migliorabile, visto che la crescita esponenziale non è un fenomeno che si osserva nelle popolazioni biologiche, però dobbiamo sicuramente riconoscere che Malthus è stato un pioniere nell'affrontare scientificamente lo studio di problemi sociali con strumenti offerti dalla matematica. Molti fenomeni (per esempio la radioattività) seguono esattamente le leggi esponenziali ottenute da Malthus e la datazione dei reperti storici e archeologici avviene esattamente tramite questi modelli e il calcolo di logaritmi. Le buone idee conservano sempre un valore.

2. UN PIZZICO DI REALISMO

2.1. **La crescita logistica.** È sicuramente poco sensato pensare che i parametri relativi ai tassi di mortalità e natalità siano realmente costanti, cioè indipendenti dallo scorrere del tempo e dai cambiamenti che si succedono.



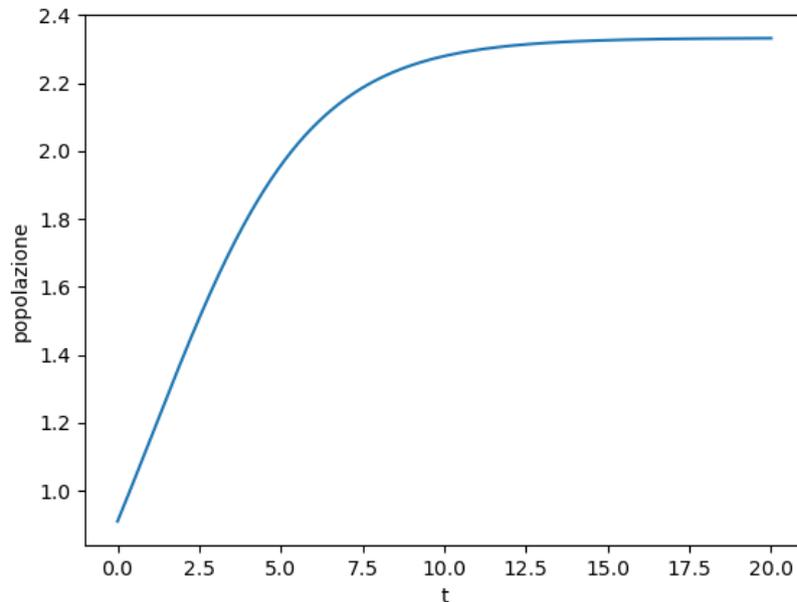
Uno delle più semplici miglierie che possiamo apportare al nostro modello è supporre che l'affollamento produca una competizione interna alla popolazione stessa, producendo un ridimensionamento della capacità riproduttiva di una popolazione, visto che le risorse disponibili nell'ambiente non possono essere veramente illimitate. Pierre François Verhulst (nato a Brussels il 28 ottobre 1804, morto a Brussels il 15 febbraio 1849) fece propria la precedente riflessione e propose di ritoccare il modello di Malthus supponendo che il tasso di mortalità non fosse costante, ma direttamente proporzionale alla numerosità della popolazione. Detto in espressioni matematiche l'idea di Verhulst è che al crescere della popolazione la mortalità aumenti secondo la relazione $\mu(k) = \mu X(k)$ (dove $\mu > 0$ è un parametro costante). In questa maniera l'equazione diventa

$$(2.1) \quad \begin{aligned} X(k+1) &= X(k) + \delta X(k) - \mu(k)X(k) = (1 + \delta)X(k) - \mu X^2(k) \\ &= X(k) [(1 + \delta) - \mu X(k)] = \mu X(k) \left[\frac{(1 + \delta)}{\mu} - X(k) \right] \end{aligned}$$

Le soluzioni del modello logistico hanno un comportamento ben noto e sono studiate da molti anni, in particolare può essere dimostrato che i valori assunti dalla soluzione non crescono più esponenzialmente come per il modello ottenuto da Malthus. L'effetto più evidente della mortalità che cresce con l'aumentare della popolazione è che la popolazione non cresce più indefinitamente. Inizialmente la soluzione comincia crescendo molto velocemente, però poi tale aumento rallenta e la popolazione tende ad avvicinarsi ad un valore (che dipende dai parametri in gioco) rimanendo limitata! Verhulst interpretò questo risultato affermando che i mezzi di sostentamento non crescono esponenzialmente, quindi lo squilibrio tra la crescita esponenziale della popolazione e quello più lento delle risorse produce un incremento del tasso di mortalità. Tale valore limite per la numerosità della popolazione viene interpretato, dai biologi, come la popolazione massima sostenibile dall'ambiente in cui si trova la popolazione che è oggetto di studio.

A differenza del modello di Malthus, per il modello di Verhulst a tempi discreti (alimento nella forma in cui lo abbiamo scritto) non è possibile ricavare una espressione esplicita, una formula chiusa della soluzione, è però possibile effettuare simulazioni al calcolatore e dedurre alcune proprietà qualitative della soluzione in alcuni casi speciali, quando i parametri verificano alcune relazioni. Le simulazioni effettuate al calcolatore producono genericamente grafici che hanno un andamento qualitativo del seguente tipo.

Anche se non possiamo ricavare una legge esplicita che descriva l'andamento della popolazione X è sempre possibile ricavare il valore della popolazione massima sostenibile dall'ambiente. Se indichiamo tale valore con P_∞ e osserviamo che, per $k \gg 1$ (cioè per k molto molto grande) vale $X(k), X(k+1) \approx P_\infty$, sostituendo i valori



nell'equazione (2.1) otteniamo la relazione

$$P_{\infty} = (1 + \delta)P_{\infty} - \mu P_{\infty}^2$$

che è un'equazione di secondo grado. Risolvendo l'equazione trovata otteniamo le seguenti due soluzioni

$$P_{\infty} = 0 \quad \text{e} \quad P_{\infty} = \frac{\delta}{\mu}$$

che rappresentano le situazioni di equilibrio della popolazione. La prima radice $P = 0$ descrive l'assenza di popolazione (e quindi di dinamica), mentre la seconda soluzione rappresenta lo stato limite che viene detto quota massima sostenibile dall'ambiente.

Possiamo anche chiederci cosa sia possibile dimostrare, cioè provare in maniera esatta (e non solo sperimentalmente) riguardo al comportamento della soluzione del modello logistico. Abbiamo scritto l'equazione logistica nel seguente modo

$$X(k+1) = X(k) + [\delta - \mu X(k)] X(k)$$

o, equivalentemente

$$X(k+1) - X(k) = [\delta - \mu X(k)] X(k)$$

il che implica che la sequenza dei valori $X(k)$ è crescente, cioè $X(k+1) \geq X(k)$, a patto di mostrare che $[\delta - \mu X(k)] \geq 0$, ovvero che $X(k) \leq \delta/\mu$. Mostriamo che questa proprietà resta vera per ogni k se è vera all'inizio, cioè se vale per $k = 0$!

Supponiamo che $0 \leq X(0) \leq \delta/\mu$, allora dall'equazione di Verhulst sappiamo che

$$X(1) = X(0) + [\delta - \mu X(0)] X(0) \geq X(0)$$

quindi possiamo anche ricavare che

$$\begin{aligned}\delta - \mu X(1) &= \delta - \mu [X(0) + (\delta - \mu X(0)) X(0)] \\ &= \delta - \mu X(0) + \mu [\mu X(0) - \delta] X(0) \geq \delta - \mu X(0) \geq 0\end{aligned}$$

dove il termine che abbiamo scartato è non negativo per ipotesi. Quindi otteniamo le disuguaglianze desiderate, riassumendo abbiamo provato che

$$\text{se } 0 \leq X(0) \leq \frac{\delta}{\mu} \quad \text{allora segue} \quad 0 \leq X(1) \leq \frac{\delta}{\mu}$$

Il discorso può, a questo punto, essere ripetuto per il successivo indice k e, procedendo in questo modo (reiterando il ragionamento senza sosta), otteniamo che

$$\text{se } 0 \leq X(0) \leq \frac{\delta}{\mu} \quad \text{allora segue} \quad 0 \leq X(k) \leq \frac{\delta}{\mu} = P_\infty \text{ per ogni } k \in \mathbf{N}$$

Dunque abbiamo ottenuto che la successione $\{X(k)\}$ è crescente e limitata, cioè che

$$X(k+1) \geq X(k) \quad \text{e} \quad 0 \leq X(k) \leq P_\infty \quad \text{per ogni } k \in \mathbf{N}$$

questo è sufficiente a garantire che la successione è convergente al suo estremo superiore che, per l'unicità del limite, deve essere esattamente $P_\infty = \delta/\mu$.

L'equazione logistica è ampiamente studiata nell'ambito dei sistemi dinamici discreti, nel nostro caso la situazione è un poco più semplice, infatti dalla discussione di carattere biologico (e dal fatto che h è abbastanza breve) possiamo supporre $\delta \in [0, 1]$ e quindi $1 \leq (1 + \delta) \leq 2$, questo dà al modello di Verhulst un comportamento relativamente semplice. Il modello logistico propriamente detto è, in genere, l'equazione alle differenze $X(k+1) = \lambda X(k)[1 - X(k)]$, tale equazione presenta comportamenti molto sorprendenti $\lambda > 3$, di preciso si generano soluzioni periodiche di periodo arbitrariamente grande e altri fenomeni caotici.

2.2. Un primo modello epidemiologico. Il modello logistico appena presentato si presta anche ad una prima interpretazione epidemiologica. Supponiamo che in una popolazione si stia diffondendo una malattia infettiva e dividiamo la popolazione in due classi

- suscettibili: i sani, cioè persone che possono ammalarsi,
- infetti: individui che hanno contratto la malattia e possono contagiare altri.

Ipotizziamo che

- gli infetti restino in tale stato per sempre,
- il numero dei nuovi infetti sia proporzionale ai contatti tra suscettibili ed infetti, cioè al prodotto tra S ed I ,

otteniamo il seguente sistema per le due popolazioni

$$\begin{cases} S(k+1) - S(k) = -\beta S(k)I(k) \\ I(k+1) - I(k) = +\beta S(k)I(k) \end{cases}$$

dove il parametro $\beta > 0$ descrive la forza dell'infezione. Si noti che, sommando le equazioni, abbiamo

$$S(k+1) + I(k+1) - S(k) - I(k) = 0$$

cioè

$$S(k+1) + I(k+1) = S(k) + I(k) = S(k-1) + I(k-1) = \dots = S_0 + I_0 = P_0$$

infatti nel nostro modello abbiamo semplicemente scritto che l'unica dinamica presente nel sistema il meccanismo con cui alcuni suscettibili diventano infetti e quindi vengono sottratti dalla classe S per entrare nel gruppo I .

Questo ci permette di scrivere che, per ogni $k \in \mathbf{N}$, vale

$$S(k) = P_0 - I(k)$$

e di ridurre il sistema ad una sola equazione per ricorrenza per la variabile I , che possiamo ricavare nel seguente modo

$$I(k+1) - I(k) = \beta[P_0 - I(k)]I(k)$$

$$I(k+1) = I(k) [(1 + \beta P_0) - \beta I(k)]$$

mentre per la variabile S otteniamo

$$S(k+1) = S(k) [-(1 + \beta P_0) + \beta S(k)] = -S(k) [(1 + \beta P_0) - \beta S(k)]$$

In rete questo modello è anche noto come il modello dell'apocalisse zombie, in quanto la (fantomatica) malattia che rende zombie si diffonde tramite contatto (a volte anche violento) con un infetto e, come asserito nella quasi totalità dei film del genere, dallo stato zombie non si torna indietro... In questo caso il modello ci permette di formulare una conclusione facilmente leggibile, anche se non rassicurante: a lungo andare tutta la popolazione transita e resta nella classe zombie, infatti calcolando il valore asintotico per la popolazione degli infetti si trova che

$$I(k) \longrightarrow P_0 \quad \text{e} \quad P(k) \longrightarrow 0$$

Come prima proponiamo un esempio di codice python per provare a svolgere alcune simulazioni in proprio e studiare autonomamente la crescita logistica.

```
import numpy
import matplotlib.pyplot
n = 10000
T = 20.00
X0 = 0.910
delta = 0.42
mu = 0.18
h = T/float(n)
t = numpy.linspace(0, T, n+1)
X = numpy.zeros(n+1)

for k in range(n):
    X[0] = X0
    X[k+1] = (1+h*delta)*X[k] -h*mu*X[k]*X[k]

matplotlib.pyplot.plot(t[:],X[:])
matplotlib.pyplot.xlabel('t')
matplotlib.pyplot.ylabel('popolazione')
matplotlib.pyplot.show()
```

3. UNA PARENTESI BIOLOGICA/INFORMATICA

3.1. **I virus.** Una malattia infettiva è una malattia determinata da agenti patogeni che entrano in contatto con un individuo. Tali agenti possono essere virus, batteri (*Escherichia Coli*), funghi o miceti (*Aspergillus fumigatus*), muffe, protozoi (*Entamoeba histolytica*).

Affinché una malattia contagiosa venga definita come infettiva, essa deve essenzialmente ai due seguenti criteri epidemiologici:

- colpire indiscriminatamente entrambi i sessi,
- seguire la legge di Farr.

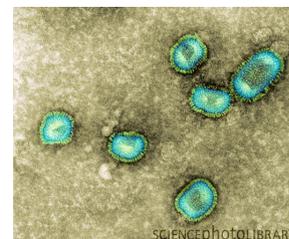
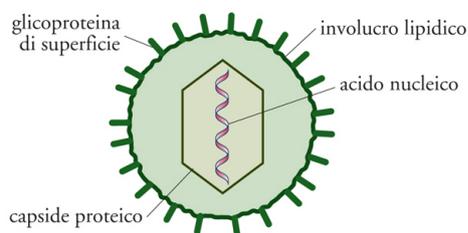
La legge di Farr dice che una malattia infettiva deve avere una crescita dei nuovi casi di tipo esponenziale, almeno nelle prime fasi della diffusione. Nelle righe che seguono ci concentreremo su malattie di origine virale, richiamando alcune nozioni di biologia dei virus.

I virus sono entità biologiche con caratteristiche di parassita obbligato, la cui natura di organismo vivente o struttura subcellulare non è chiara. Non possiedono metabolismo: vengono quindi trasportati passivamente (in genere da fluidi) finché non trovano una cellula ospite da infettare. Nelle cellule infettate i virus perdono la loro individualità strutturale: si scindono in acidi nucleici e altri prodotti che assumono il controllo di parte dell'attività biosintetica cellulare al fine di produrre nuovi virioni. I virus mediamente sono un centinaio di volte più piccoli di una cellula, la loro struttura è molto più semplice e può essere riassunta nel seguente schema

- un piccolo genoma costituito da DNA o RNA,
- una copertura proteica chiamata capside,
- strutture molecolari specializzate ad iniettare il genoma virale nella cellula ospite.

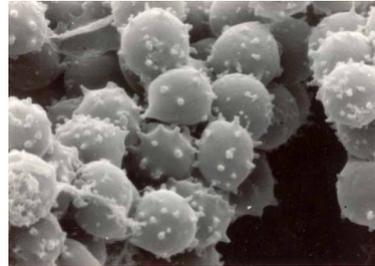
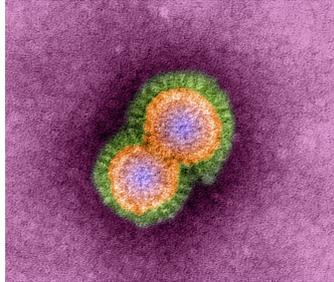
Il loro comportamento forzatamente parassita è dovuto al fatto che non dispongono di tutte le strutture biochimiche e biosintetiche necessarie per la loro replicazione, quindi devono sfruttare alcune funzionalità di altre cellule al fine di garantire la prosecuzione della loro specie...

Probabilmente l'esempio più famoso di virus è il virus dell'influenza. L'**influenza** è malattia infettiva causata da virus RNA della famiglia degli Orthomyxoviridae. È caratterizzata da vari sintomi (febbre non sempre presente, malessere generale, cefalea e dolori osteomuscolari e respiratori, tosse, mal di gola) comuni, purtroppo, a molte altre malattie di tipo virale.



Il virus dell'influenza A è un virus a RNA con filamento singolo. Esistono diversi sottotipi di virus dell'influenza A i quali vengono classificati secondo le proteine di superficie che permettono loro l'accesso alle cellule dell'organismo ospite. Sull'involucro lipidico che cela il capsid si trovano essenzialmente due proteine di nome

emoagglutinina (H) e neuraminidasi (N). Esistono 16 differenti tipi di emoagglutinina (denominati da da H1 a H16) e 9 differenti tipi di neuroaminidasi (da N1 a N9), i differenti sottotipi di influenza A vengono classificati con una sigla che indica le due proteine presenti sulla sua superficie.



L'influenza spagnola è una pandemia influenzale che fra il 1918 e il 1920 uccise decine di milioni di persone nel mondo. È stata descritta come la più grave forma di pandemia della storia dell'umanità, avendo ucciso più persone della terribile peste nera del XIV secolo e della stessa Grande Guerra. Il virus influenzale della spagnola è stato classificato come H1N1.

L'epidemiologia è una branca della ricerca biomedica che analizza la frequenza, la distribuzione e l'evoluzione delle malattie all'interno delle popolazioni (umane, ma non solo). In questo ambito, i modelli matematici vengono utilizzati, per esempio, per prevedere la diffusione delle malattie infettive nell'ottica di contribuire alla determinazione di opportuni interventi di sanità pubblica. I modelli più semplici cercano di individuare indicatori significativi, determinati da alcune caratteristiche statisticamente misurabili della malattia considerata (latenza, durata, infettività) che possono essere utilizzati per definire protocolli di intervento, come i programmi di vaccinazione di massa o strategie contenitive quali quarantene o isolamento di persone.

3.2. Modelli e matematica. Già nel 1760, Daniel Bernoulli, matematico formatosi inizialmente come medico, propose un modello per valutare l'utilità della vaccinazione per limitare la mortalità causata dal vaiolo. Successivamente, lo sviluppo della teoria dei germi che prevedeva la possibilità della trasmissione della malattia attraverso microorganismi vettori dell'infezione, determinò la nascita dell'epidemiologia. In questa direzione, un contributo matematico fondamentale è quello fornito da Anderson Gray McKendrick e William Ogilvy Kermack, il cui modello, basato sul concetto di compartimento, venne pubblicato nel 1927.

L'uso di modelli deterministici è ragionevole essenzialmente solo nel caso di grandi popolazioni. In questo tipo di descrizione, gli individui sono assegnati a vari sottogruppi, detti compartimenti, ognuno dei quali rappresenta una fase specifica nel corso della malattia. Il modello è determinato dalle modalità di transizione da una classe all'altra che intervengono in opportune equazioni alle differenze.

Una distinzione importante, che si ripercuote in maniera diretta nella struttura del modello matematico, è quella tra epidemia ed endemia. La prima è una malattia infettiva localizzata nel tempo: l'espansione del morbo è sufficientemente rapida da rendere trascurabili le nascite e le morti degli individui della popolazione. L'endemia, al contrario, è una malattia che persiste su tempi lunghi e che necessita l'aggiunta di termini appropriati che descrivano le nascite e le morti.

In queste pagine ci limiteremo a presentare in maniera superficiale alcuni dei modelli epidemiologici più semplici. In particolare ci focalizzeremo sul modello SIR, un

modello a tre compartimenti, universalmente considerato un prototipo basilare che, nonostante la sua semplicità, riesce a cogliere alcuni tratti salienti delle epidemie ed endemie reali. In prima battuta seguiremo un approccio legato a modelli a tempi discreti, come quelli introdotti nelle pagine precedenti, in seguito riporteremo alcuni modelli a tempi continui (con alcuni enunciati interessanti), che costituiscono una sorta di approfondimento dei primi studi.

3.3. Osservazioni di carattere informatico. Fatte le debite proporzioni, possiamo riconoscere, nel meccanismo descritto sopra, molte analogie con il comportamento dei virus informatici: infatti tali virus penetrano nel sistema informatico con strategie di vario tipo, ingannando utenti e/o difese e utilizzando il calcolatore ospite per replicarsi e propagarsi tramite reti aziendali e/o internet. Quindi i modelli che discuteremo nel seguito sono utili anche per lo studio di epidemie di virus informatici.

4. MODELLI PER L'EPIDEMIOLOGIA

4.1. **Il modello SIR.** In questo paragrafo presenteremo alcuni concetti che sono alla base di tutti i modelli che andremo a studiare nelle pagine che seguono.

L'idea di base di tutti i modelli che vedremo consiste nel dividere un'intera popolazione in classi (anche detti compartimenti) che descrivono i possibili stati di un individuo rispetto alla malattia in esame. Nei modelli più semplici le classi sono le seguenti tre

- S suscettibili (susceptible): cioè persone che possono ammalarsi
- I infetti (infect): ovvero individui contagiosi
- R rimossi (removed): individui guariti e, di solito, immunizzati

Indichiamo con $S(k)$, $I(k)$ e $R(k)$ il numero di individui che si trovano in uno dei rispettivi compartimenti, come suggerito dalla notazione, e introduciamo le relative percentuali nel seguente modo

$$s(k) = \frac{S(k)}{N(k)} \quad i(k) = \frac{I(k)}{N(k)} \quad r(k) = \frac{R(k)}{N(k)}$$

dove $N(k) = S(k) + I(k) + R(k)$ è il numero totale degli individui che compongono la popolazione. Si noti che, per costruzione, deve valere sempre che $s(k) + i(k) + r(k) = 1$, questa identità formalizza il fatto che l'intera popolazione è ripartita nelle tre classi. A questo punto dobbiamo introdurre delle ipotesi che devono essere fornite dalla biologia. Questo significa che le ipotesi che seguono non sono necessarie dal punto di vista strettamente matematico, ma sono suggerite dall'osservazione e permettono di descrivere il fenomeno attraverso gli strumenti matematici veri e propri. Le ipotesi che introduciamo sono che

- i. gli infetti guarendo restino immunizzati,
- ii. la variazione della percentuale di popolazione infetta sia proporzionale alla probabilità di un incontro tra un suscettibile ed un individuo infetto.

Le precedenti regole possono essere tradotte in "formule" impiegando i seguenti due criteri

- la variabile s diminuisce proporzionalmente al prodotto si e tutti i suscettibili infettati passano nella classe degli infetti,
- Il tempo medio di guarigione dalla malattia è noto e più o meno costante.

Possiamo riassumere le precedenti considerazioni nel seguente sistema

$$(4.1) \quad \begin{cases} s(k+1) - s(k) = -\beta h s(k) i(k) \\ i(k+1) - i(k) = +\beta h s(k) i(k) - \gamma h i(k) \\ r(k+1) - r(k) = +\gamma h i(k) \end{cases}$$

dove $\gamma > 0$ è l'inverso del tempo medio di guarigione, mentre il parametro $\beta > 0$ descrive la virulenza dell'infezione.

Nella letteratura scientifica ci sono molti studi per capire se il modo più aderente alla realtà di descrivere il passaggio dalla classe dei sani al compartimento degli infetti sia attraverso il prodotto $s(k)i(k)$, nonostante il dibattito sia tuttora aperto useremo questa descrizione (a volte detta incidenza standard) perché è il modello più frequentemente usato in letteratura.

In realtà il modello che sarebbe più naturale scrivere è un modello contenente equazioni differenziali, cioè

$$\begin{cases} s'(t) = -\beta s(t)i(t) \\ i'(t) = +\beta s(t)i(t) - \gamma i(t) \\ r'(t) = +\gamma i(t) \end{cases}$$

ma ricordando che possiamo approssimare le derivate nel seguente modo

$$f'(kh) \approx \frac{f((k+1)h) - f(kh)}{h}$$

e adattandolo alle variabili s , i e r si ottiene il modello che abbiamo scritto precedentemente. Questo è importante perché spiega come ottenere le costanti coinvolte nel modello: h è l'unità temporale considerata, β e γ sono delle costanti legate alle caratteristiche biologiche della malattia in esame. Questo tipo di approssimazione è frequentemente adottata nelle scienze applicate ed è del tutto analoga al processo di approssimare la velocità istantanea di un corpo in movimento con delle velocità medie calcolate su intervalli temporali abbastanza piccoli.

Osserviamo subito che, per ipotesi, $s_0, i_0, r_0 \in [0, 1]$, cioè i dati iniziali sono delle costanti non negative ed (essendo percentuali) minori o, al più, uguali ad 1 , questa osservazione ci permette di trarre delle conseguenze interessanti. Infatti se supponiamo che $\beta h \leq 1$ otteniamo

$$s(1) = s(0)[1 - \beta h i(0)] = s_0[1 - \beta h i_0] \geq 0$$

visto che $s_0 \geq 0$ e $(1 - \beta h i_0) \geq (1 - \beta h) \geq 0$. Scegliere il passo temporale sufficientemente piccolo, precisamente fissare h in modo che $h \leq 1/\beta$ garantisce quindi la positività di $s(1)$ e si noti che, in ogni caso, per approssimare bene la derivata con il rapporto incrementale il passo di discretizzazione h deve essere una quantità sufficientemente piccola.

Quindi abbiamo provato che $s(1) \geq 0$ e inoltre abbiamo anche

$$i(1) = i(0)[1 - \gamma h + \beta h s(0)] = i_0[1 - \gamma h + \beta h s_0] \geq 0$$

dall'osservazione sui dati iniziali e sui parametri del modello abbiamo subito che $i_0 \geq 0$ e $\beta h s_0 \geq 0$, inoltre seguendo il ragionamento precedente possiamo scegliere h in modo che $(1 - \gamma h) \geq 0$, in modo da ottenere la positività di $i(1)$. La condizione sul parametro h che garantisce la positività delle variabili diventa quindi

$$(4.2) \quad h \leq \min \left\{ \frac{1}{\beta}, \frac{1}{\gamma} \right\}$$

Osserviamo anche che $r(1) = r(0) + \gamma h i(0) = r_0 + \gamma h i_0 \geq 0$, per cui abbiamo provato che $s(1), i(1), r(1) \geq 0$.

Se sommiamo le tre equazioni, per $k = 0$, si ottiene la seguente relazione

$$\begin{aligned} s(1) + i(1) + r(1) - s(0) - i(0) - r(0) \\ = -\beta h s(0)i(0) + \beta h s(0)i(0) - \gamma h i(0) + \gamma h i(0) = 0 \end{aligned}$$

cioè

$$s(1) + i(1) + r(1) = s(0) + i(0) + r(0) = s_0 + i_0 + r_0 = 1$$

per cui abbiamo che $s(1), i(1), r(1)$ sono tre numeri non negativi la cui somma dà 1 , quindi possiamo affermare che

$$0 \leq s(1), i(1), r(1) \leq s(1) + i(1) + r(1) = 1$$

quindi le variabili s, i, r continuano ad essere delle percentuali, almeno per $k = 1$. Però adesso possiamo ripetere i precedenti passi per stimare le quantità $s(2), i(2), r(2)$, partendo dal fatto che al passo precedente (cioè per $k = 1$) le variabili producono risposte nell'intervallo $[0, 1]$, in fin dei conti notiamo che sommando le tre equazioni si ottiene la seguente identità

$$\begin{aligned} s(k+1) + i(k+1) + r(k+1) - s(k) - i(k) - r(k) \\ = -\beta h s(k)i(k) + \beta h s(k)i(k) - \gamma h i(k) + \gamma h i(k) = 0 \end{aligned}$$

ed essendo k arbitrario possiamo reiterare il ragionamento, ottenendo

$$\begin{aligned} s(k+1) + i(k+1) + r(k+1) &= s(k) + i(k) + r(k) \\ &= s(k-1) + i(k-1) + r(k-1) = \dots = s(0) + i(0) + r(0) \\ &= s_0 + i_0 + r_0 = 1 \end{aligned}$$

il che mostra che le percentuali delle tre classi, sommate, coprono complessivamente l'intera numerosità della popolazione, visto che il loro totale è costante rispetto alla variabile tempo e pari ad 1.

Il ragionamento fatto precedentemente mostra anche che $r(k), s(k), i(k)$ sono non negativi, sempre supponendo che $\beta h, \gamma h \leq 1$, per cui possiamo concludere che

$$0 \leq s(k), i(k), r(k) \leq 1 \quad \text{per ogni } k \in \mathbf{N}$$

il che prova che il modello è consistente, le variabili descrivono percentuali, cioè numeri nell'intervallo $[0, 1]$, per ogni tempo k .

A questo punto osserviamo che la terza equazione è legata al resto del sistema, però le prime due equazioni sono indipendenti dalla terza. Siccome la variabile r può essere ricavata dal suo stato precedente e dai valori di i , possiamo semplificarci la vita e considerare solo il seguente sistema ridotto (bidimensionale)

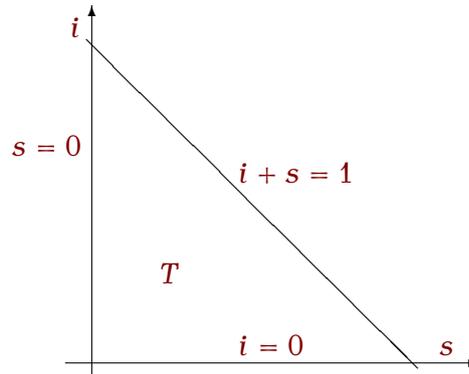
$$(4.3) \quad \begin{cases} s(k+1) = s(k) - \beta h s(k)i(k) \\ i(k+1) = [(1 - \gamma h) + \beta h s(k)] i(k) \end{cases}$$

da cui ottenere numericamente $s(k)$ e $i(k)$ e, in un secondo tempo, ricavare $r(k)$ per ricostruire l'intera soluzione.

Nel frattempo cerchiamo di studiare le proprietà del sistema ridotto con strumenti matematici esatti. Dai ragionamenti precedenti sappiamo che $s(k), i(k) \geq 0$ per ogni k , inoltre abbiamo anche l'informazione

$$0 \leq s(k) + i(k) \leq s(k) + i(k) + r(k) = 1$$

quindi possiamo visualizzare lo stato $(s(k), i(k))$ come un punto in un piano cartesiano che appartiene alla regione triangolare $T = \{(s, i) : s, i \geq 0 \text{ e } s + i \leq 1\}$ rappresentata nel seguente disegno



Il triangolo T è un insieme invariante per la dinamica discreta del nostro sistema, i dati iniziali che si trovano all'interno della regione generano una successione di altri punti che sono tutti in T , in altre parole le soluzioni restano sempre dentro il triangolo.

Cerchiamo di sfruttare queste informazioni per determinare il comportamento qualitativo delle soluzioni del sistema SIR. Cominciamo osservando alcuni fatti molto importanti: considerando l'equazione per la variabile s notiamo che valgono le seguenti disuguaglianze

$$0 \leq s(k+1) = s(k) - \beta h s(k) i(k) \leq s(k) \leq 1$$

questo significa che la successione $s(k)$ è una successione decrescente e limitata, il che è del tutto naturale: in un'epidemia il numero dei suscettibili non può che diminuire (i sani, in S , si ammalano passando nella classe I , poi finiscono nella classe R al termine del tempo necessario alla guarigione), quindi la successione $\{s(k)\}$ è convergente ad un valore limite $s_\infty \in [0, 1]$, tale valore è la percentuale della popolazione che attraversa indenne l'epidemia.

Leggermente più difficile è l'analisi del comportamento della successione $\{i(k)\}$. La seconda equazione del sistema (4.3) può essere riscritta nel seguente modo

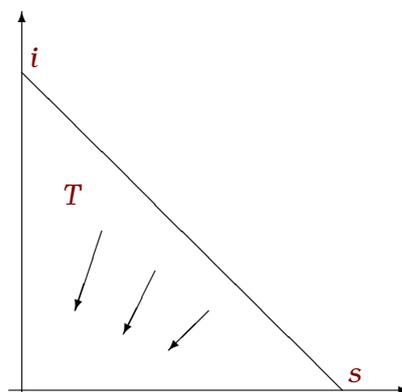
$$i(k+1) = i(k) - h[\gamma - \beta s(k)]i(k)$$

e la relazione dice che la successione è decrescente se e solo se $(\gamma - \beta s(k)) \geq 0$, quindi dobbiamo distinguere alcuni differenti regimi.

(A) Se $\beta \leq \gamma$, ricordando che $0 \leq s(k) \leq 1$, abbiamo che

$$0 \leq \gamma - \beta \leq \gamma - \beta s(k)$$

quindi le successioni $\{s(k)\}$ e $\{i(k)\}$ sono entrambe decrescenti e il movimento (il flusso) prodotto dal sistema è rappresentato dal seguente disegno



In particolare, siccome le due successioni sono decrescenti e limitate convergono entrambe ad un limite, in formule vale

$$s(k) \longrightarrow s_\infty \quad \text{e} \quad i(k) \longrightarrow i_\infty$$

con $0 \leq s_\infty, i_\infty \leq 1$. Inoltre i valori asintotici delle variabili s e i devono risolvere il sistema soddisfatto dalle variabili, cioè

$$\begin{cases} s_\infty = s_\infty(1 - \beta h i_\infty) \\ i_\infty = [(1 - \gamma h) + \beta h s_\infty] i_\infty \end{cases} \quad \text{da cui} \quad \begin{cases} s_\infty i_\infty = 0 \\ i_\infty [\beta s_\infty - \gamma] = 0 \end{cases}$$

il precedente sistema possiede come soluzioni tutte le coppie di coordinate $(s^*, 0)$, al variare di $s^* \in [0, 1]$, cioè tutti i punti che appartengono alla base del triangolo T . Tutti questi punti sono candidati ad essere punti limiti per lo stato del sistema. Rimarchiamo che, dalle precedenti considerazioni segue anche $r(k) \longrightarrow (1 - s^*)$ e che, dal punto di vista epidemiologico, essendo il numero degli infetti una quantità decrescente (almeno in questo scenario) la malattia non ha la forza di generare un'epidemia, visto che non c'è crescita degli infetti! Sintetizziamo l'ipotesi iniziale $\gamma \leq \beta$ e le più importanti conseguenze che ne abbiamo tratto nel seguente riquadro

$$(A) \quad \text{se} \quad \sigma = \frac{\beta}{\gamma} \leq 1 \quad \text{allora} \quad (s(k), i(k), r(k)) \longrightarrow (s^*, 0, (1 - s^*))$$

$$0 \leq i(k+1) \leq i(k) \leq 1$$

Se $\sigma = \beta/\gamma > 1$ il ragionamento precedente non può essere ripetuto passo passo, perché non siamo più certi del fatto che la sequenza dei valori $i(k)$ sia decrescente: anzi, come vedremo fra poco, tale fatto non è più vero in generale. Distinguiamo due "sottocasi"

(B) Se $\sigma > 1$ e $\sigma s_0 \leq 1$ la dinamica generata da (4.3) è identica al caso precedente, infatti è ancora vero che il numero dei suscettibili decresce, visto che vale

$$0 \leq s(k+1) = s(k) - \beta h s(k) i(k) \leq s(k) \leq 1$$

e per gli infetti, grazie alle ipotesi fatte sui parametri, abbiamo

$$i(k+1) - i(k) = -h[\gamma - \beta s(k)] i(k) \leq -h[\gamma - \beta s_0] i(k) \leq 0$$

da cui segue che è possibile ripetere il ragionamento fatto nel punto (A) ed ottenere le medesime conclusioni. In particolare anche in questo caso non si verifica alcuna

epidemia!

$$(B) \text{ se } \sigma > 1 \text{ e } \sigma s_0 \leq 1 \text{ allora } (s(k), i(k), r(k)) \longrightarrow (s^*, 0, (1 - s^*)) \\ 0 \leq i(k+1) \leq i(k) \leq 1$$

(C) Nel caso $\sigma \geq \sigma s_0 > 1$ la dinamica prodotta da (4.3) cambia drasticamente e si genera un'epidemia, infatti, ancora una volta, è vero che il numero dei suscettibili decresce, come si può vedere dalla stima sulla variabile s che può essere ripetuta senza alcuna difficoltà

$$0 \leq s(k+1) = s(k) - \beta h s(k) i(k) \leq s(k) \leq 1$$

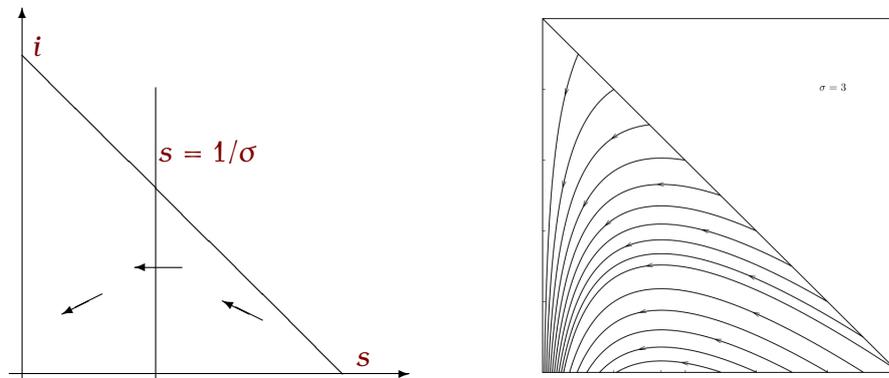
mentre per gli infetti possiamo osservare che

$$i(1) - i(0) = -h[\gamma - \beta s_0] i_0 > 0 \quad \text{cioè} \quad i(1) > i(0) = i_0$$

che significa che il numero degli infetti inizia ad aumentare, il ragionamento fatto mostra che

$$i(k+1) \geq i(k) \quad \text{fintanto che} \quad [\gamma - \beta s(k)] \leq 0$$

quindi la percentuale degli infetti aumenta fin quando la frazione dei suscettibili non si assottiglia abbastanza. Provando a rappresentare il campo vettoriale in T associato al sistema (4.3) per la coppia di variabili (s, i) si ottiene la seguente coppia di disegni, dovesi può vedere il differente comportamento del sistema nei casi (B) e (C) e alcuni traiettorie percorse da soluzioni.



Quindi se $\sigma > 1$ non è più vero che l'azione della dinamica prodotta dal sistema è un campo vettoriale che fa diminuire la componente $i(k)$ al crescere della variabile tempo k , e questo produce una dinamica profondamente differente dal caso (A). I suscettibili decrescono sempre, mentre gli infetti aumentano nella fase iniziale dell'epidemia (se ci sono un numero abbastanza grande di suscettibili) per poi sparire su tempi lunghi. Il parametro σ , a volte chiamato numero di contatto, discrimina la possibilità che si realizzi o meno un'epidemia, a seconda di dove il parametro si trovi rispetto al valore soglia 1. Per sintetizzare

$$(C) \text{ se } 1 \leq \sigma s_0 \leq \sigma \text{ allora } i(k) \text{ cresce e produce un'epidemia} \\ (s(k), i(k), r(k)) \longrightarrow (s^*, 0, (1 - s^*))$$

Tirando le somme del lavoro fatto abbiamo dimostrato il seguente risultato

Teorema 4.1. Posto $\sigma = \beta/\gamma$, allora la soluzione $(s(k), i(k), r(k))$ del sistema SIR (4.1), con condizioni iniziali $s(0) = s_0$, $i(0) = i_0$ e $r(0) = r_0$, è tale che $s(k)$ è decrescente, $i(k)$ è decrescente (alla peggio solo definitivamente) e $r(k)$ è crescente. Inoltre vale

$$(s(k), i(k), r(k)) \longrightarrow (s^*, 0, (1 - s^*))$$

Riguardo la monotonia della successione $i(k)$ possiamo aggiungere che

- i. nei casi (A) e (B) $i(k)$ è decrescente,
- ii. nel caso (C) esiste $K_0 > 0$ tale che $i(k)$ è crescente per $k \leq K_0$ e decrescente per $k \geq K_0$.

In generale non è affatto facile avere delle stime sui valori numerici dei parametri del modello. Abbiamo già accennato al fatto che γ è il reciproco del tempo medio di guarigione (o del tempo medio di permanenza nel compartimento degli infetti), e questo rende relativamente semplice stimare il suo valore. Invece ottenere dei valori ragionevoli per il parametro β di una malattia infettiva è un lavoro più difficile che va affrontato per via indiretta. Riscriviamo il sistema ridotto (4.3) nel seguente modo

$$\begin{cases} s(k+1) - s(k) = -\beta h s(k) i(k) \\ i(k+1) - i(k) = -\gamma h i(k) + \beta h s(k) i(k) \end{cases}$$

e dividiamo la seconda equazione per la prima membro a membro, in modo da avere le seguenti relazioni

$$\frac{i(k+1) - i(k)}{s(k+1) - s(k)} = \frac{-\gamma h i(k) + \beta h s(k) i(k)}{-\beta h s(k) i(k)} = \frac{\gamma - \beta s(k)}{\beta s(k)} = \frac{1}{\sigma s(k)} - 1$$

moltiplicando per $[s(k+1) - s(k)]$ otteniamo

$$[i(k+1) - i(k)] + [s(k+1) - s(k)] = \frac{1}{\sigma} \left[\frac{s(k+1) - s(k)}{s(k)} \right] = \frac{1}{\sigma} \left[\frac{s(k+1)}{s(k)} - 1 \right]$$

e sommando rispetto all'indice k , troviamo

$$(4.4) \quad \sum_{k=0}^{+\infty} [i(k+1) - i(k)] + \sum_{k=0}^{+\infty} [s(k+1) - s(k)] = -\frac{1}{\sigma} \sum_{k=0}^{+\infty} \left[1 - \frac{s(k+1)}{s(k)} \right]$$

I primi due addendi della formula sono delle serie telescopiche di cui è facile calcolare la somma, infatti possiamo scrivere

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^{+\infty} [i(k+1) - i(k)] &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=0}^N [i(k+1) - i(k)] \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} [i(1) - i(0) + i(2) - i(1) + \dots + i(N+1) - i(N)] \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} [i(N+1) - i(0)] = i^* - i(0) = -i_0 \end{aligned}$$

Ripetendo il ragionamento per il secondo addendo coinvolto nella formula (4.4) otteniamo

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^{+\infty} [s(k+1) - s(k)] &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=0}^N [s(k+1) - s(k)] \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} [s(1) - s(0) + s(2) - s(1) + \dots + s(N+1) - s(N)] \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} [s(N+1) - s(0)] = s^* - s_0 \end{aligned}$$

A questo punto dobbiamo riuscire a stimare la terza sommatoria presente nel membro di destra di (4.4). Per farlo cominciamo ricordando che la formula di Taylor ci permette di dire che

$$\ln(1 - \Delta x) = -\Delta x + o(|\Delta x|) \approx -\Delta x \quad \text{per } |\Delta x| \ll 1$$

e scegliendo

$$\Delta x = \left[1 - \frac{s(k+1)}{s(k)} \right]$$

si ottiene che

$$\ln \left(\frac{s(k+1)}{s(k)} \right) \approx - \left[1 - \frac{s(k+1)}{s(k)} \right]$$

Osserviamo che la precedente relazione è semplicemente un'approssimazione, ed è tanto più precisa quanto più Δx è piccolo, che nel nostro caso significa che deve essere piccola la differenza tra la variabile s calcolata in due istanti temporali successivi, e siccome

$$0 \leq |s(k+1) - s(k)| = \beta h s(k) i(k) \leq Ch$$

possiamo dire che l'approssimazione fatta è tanto più buona quanto più la discretizzazione temporale h è piccola! A questo punto possiamo svolgere i calcoli che seguono

$$- \sum_{k=0}^{+\infty} \left[1 - \frac{s(k+1)}{s(k)} \right] = \sum_{k=0}^{+\infty} \ln \left(\frac{s(k+1)}{s(k)} \right) = \ln \left(\prod_{k=0}^{+\infty} \frac{s(k+1)}{s(k)} \right) = \ln \left(\frac{s^*}{s_0} \right)$$

visto che

$$\begin{aligned} \prod_{k=0}^{+\infty} \frac{s(k+1)}{s(k)} &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \prod_{k=0}^N \frac{s(k+1)}{s(k)} = \lim_{N \rightarrow +\infty} \left[\frac{s(1)}{s(0)} \cdot \frac{s(2)}{s(1)} \cdot \dots \cdot \frac{s(N+1)}{s(N)} \right] \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \frac{s(N+1)}{s(0)} = \frac{s^*}{s_0} \end{aligned}$$

Dai conti eseguiti segue che possiamo trasformare (4.4) nella seguente relazione

$$-i_0 + s^* - s_0 \approx \frac{1}{\sigma} \ln \left(\frac{s^*}{s_0} \right)$$

da cui si può ricavare la seguente relazione che permette di stimare il coefficiente σ relativo all'agente infettivo (ricordando che $i_0 \ll 1$)

$$\sigma \approx \frac{\ln(s_0/s^*)}{s_0 + i_0 - s^*} \approx \frac{\ln(s_0/s^*)}{s_0 - s^*}$$

Dunque, avendo a disposizione dati riguardo la percentuale di suscettibili all'inizio e alla fine di un'ondata epidemologica, è possibile ricavare delle stime precedenti la seguente tabella di valori

$$\begin{array}{llll} \text{H3N2 } \sigma \approx 1.44 & \text{H2N2 } \sigma \approx 1.33 & \text{vaiolo } \sigma \approx 5 & \text{rosolia } \sigma \approx 7 \\ \text{morbillo } \sigma \approx 16 & \text{varicella } \sigma \approx 11 & \text{parotite } \sigma \approx 12 & \end{array}$$

Una strategia che è stata più volte impiegata fin dagli albori del XIX secolo consiste nel proteggere le persone a rischio tramite vaccinazione. La presenza di molte persone vaccinate nella popolazione permette quella che si chiama immunità di gregge,

la quale, matematicamente parlando, consiste nel fatto che il dato iniziale s_0 viene ridotto dall'azione dei vaccini (si suppone che le persone vaccinate vadano considerate nella classe R), di conseguenza (se la campagna di vaccinazione è sufficientemente vasta) è possibile rendere il prodotto σs_0 minore di 1 e quindi di evitare il caso (C) del teroema precedente e quindi di scongiurare possibili epidemie (almeno finché s_0 rimane non troppo grande). Per esempio il vaiolo è stato eradicato immunizzando, negli anni '70 del XX secolo, una consistente percentuale della popolazione tramite una enorme campagna vaccinale. Poiché $0 \leq s_0 = (1 - i_0 - r_0) \leq 1 - r_0$ vale la maggiorazione $\sigma s_0 \leq \sigma(1 - r_0)$ da cui segue che

$$\text{se } \sigma(1 - r_0) \leq 1 \quad \text{allora} \quad \sigma s_0 \leq 1$$

la disuguaglianza si può riscrivere in modo da ottenere una stima della percentuale di vaccinati da raggiungere all'interno della popolazione

$$r_0 \geq \frac{\sigma - 1}{\sigma}$$

Dai valori precedentemente scritti si ottengono i seguenti valori soglia sulla percentuale di popolazione da vaccinare per avere un effetto di prevenzione veramente efficace

vaiolo $r_0 \geq 0.8$	rosolia $r_0 \geq 0.86$	H2N2 $r_0 \geq 0.25$
varicella $r_0 \geq 0.91$	parotite $r_0 \geq 0.92$	morbillo $r_0 \geq 0.94$

Per concludere il paragrafo inseriamo il codice python che permette di simulare con un calcolatore la dinamica del modello SIR

```
import numpy
import matplotlib.pyplot

n = 10000
T = 120.00
s0 = 0.980
i0 = 0.010
r0 = 0.010
beta = 0.30
gamma = 0.18

h = T/float(n)
t = numpy.linspace(0, T, n+1)
s = numpy.zeros(n+1)
i = numpy.zeros(n+1)
r = numpy.zeros(n+1)

for k in range(n):
    s[k+1] = s[k] - h*beta*s[k]*i[k]
    i[k+1] = i[k] + h*beta*s[k]*i[k] - h*gamma*i[k]
    r[k+1] = r[k] + h*gamma*i[k]

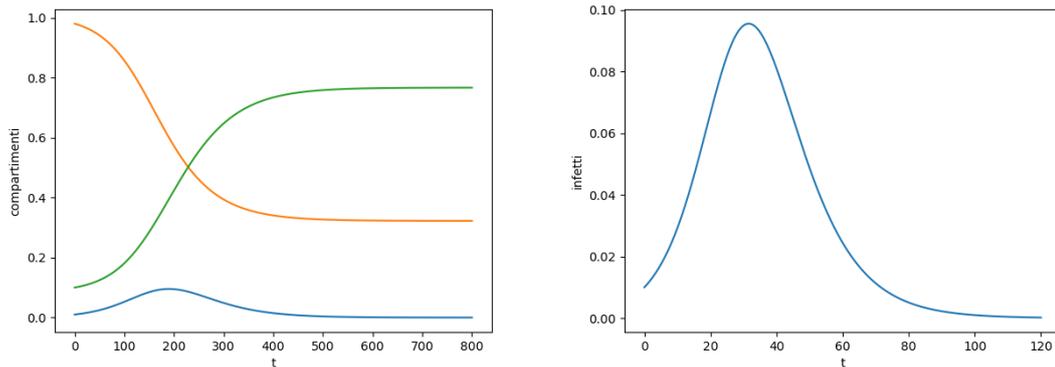
matplotlib.pyplot.plot(t[:], i[:])
```

```

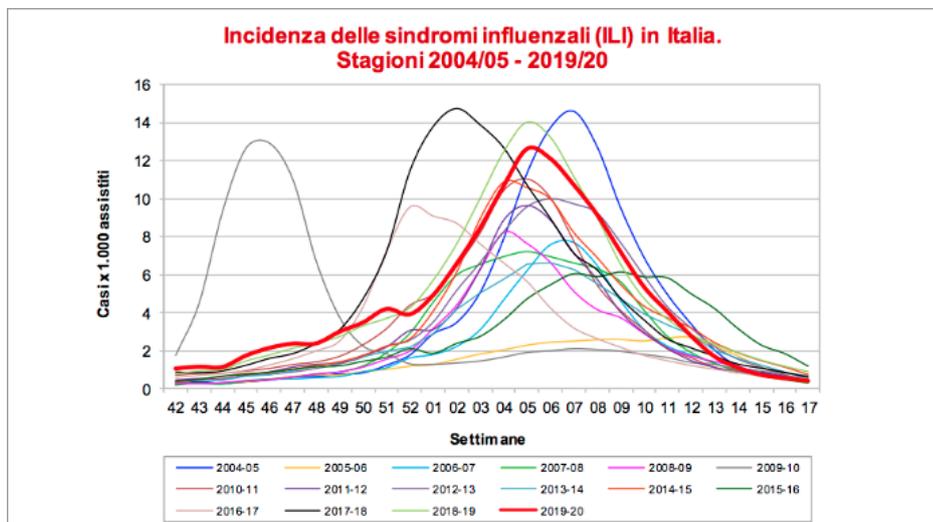
matplotlib.pyplot.plot(t[:],s[:])
matplotlib.pyplot.plot(t[:],r[:])
matplotlib.pyplot.xlabel('t')
matplotlib.pyplot.ylabel('infetti')
matplotlib.pyplot.show()

```

Inseriamo anche due grafici ottenuti dal precedente codice



e un grafico che mostra l'andamento qualitativo del numero degli infetti in alcune delle ultime epidemie influenzali in Italia



4.2. **Parametri notevoli di un'epidemia.** Dalla precedente discussione emerge (o almeno dovrebbe) che il parametro σ ha un ruolo predittivo fondamentale, almeno per quanto riguarda il modello SIR (a tempi discreti) che abbiamo proposto e studiato, infatti se σ risulta maggiore del valore soglia 1 allora la malattia è capace di generare una epidemia, con effetti potenzialmente catastrofici. In generale si parla spesso anche degli indici R_0 e R_t , rispettivamente il numero di riproduzione di base e il numero di sostituzione, di cui andiamo a dare una definizione.

In genere R_t è un parametro dinamico che si evolve durante una epidemia ed è considerato un parametro molto importante per monitorare l'evoluzione dell'epidemia.

Infatti se R_t diventa minore di 1 l'andamento degli infetti è destinato a scendere, e la situazione a migliorare.

σ è definito come il numero medio di contatti di un infetto, adeguati a generare contagi durante il periodo di contagiosità,

R_0 è il numero medio di infezioni secondarie prodotte da un singolo individuo infetto che viene introdotto in una popolazione ospite in cui tutti sono suscettibili,

R_t (detto anche numero di riproduzione) è il numero medio di infezioni secondarie prodotte da un infetto durante l'intero periodo di contagiosità.

Inserire metodi per stimare il parametro R_t ?