



993SM - Laboratory of Computational Physics Unit XII May 29, 2023

Maria Peressi

Università degli Studi di Trieste - Dipartimento di Fisica

Sede di Miramare (Strada Costiera 11, Trieste)

e-mail: peressi@units.it

tel.: +39 040 2240242

Modelling other random processes

- Fractals & Diffusion Limited Aggregates
- Percolation
- genetic algorithms
- Evolutionary stochastic models (prey-predator and epidemiologic) and deterministic version (Lotka-Volterra, Wa-Tor, Reed-Frost...)

M. Peressi - UniTS - Laurea Magistrale in Physics
Laboratory of Computational Physics - Unit XII

Modelling other random processes

- **Fractals & Diffusion Limited Aggregates**
- Percolation
- genetic algorithms
- Stochastic models (prey-predator and epidemiologic) and deterministic version (Lotka-Volterra, Wa-Tor, Reed-Frost...)

M. Peressi - UniTS - Laurea Magistrale in Physics
Laboratory of Computational Physics - Unit XII

Diffusion Limited Aggregation

Several examples of formation of natural patterns showing common features:



Electrodeposition:

cluster grown from a copper sulfate solution in an electrodeposition cell



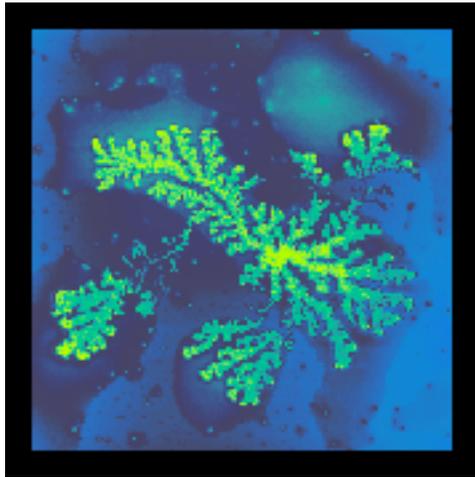
Dielectric breakdown:

High voltage dielectric breakdown within a block of plexiglas

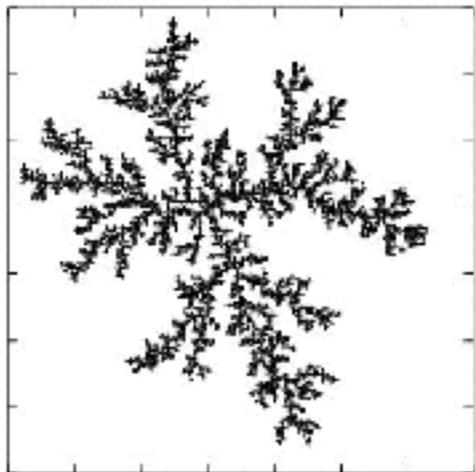
These common features that can be captured by very simple models:

Diffusion Limited Aggregation

- simple model of FRACTALS GROWTH, initially proposed for irreversible colloidal aggregation, although it was quickly realized that the model is very widely applicable.
- by T.A. Witten and L.M. Sander, Phys. Rev. Lett. 47, 1400 (1981)



REAL IMAGE (Atomic Field Microscopy) of a gold colloid of about 15 nm over a gel substrate



SIMULATION

DLA: algorithm

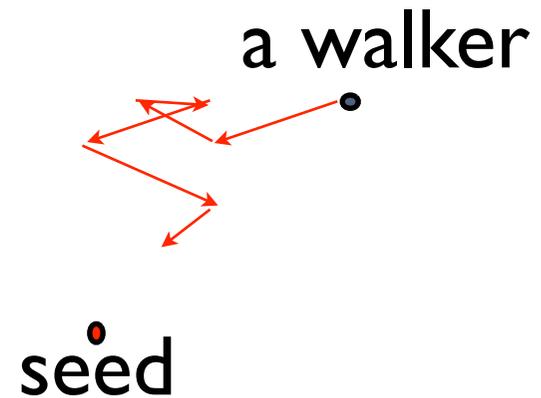
- * Start with an immobile seed on the plane

- * A walker is then launched from a random position far away and is allowed to diffuse

- * If it touches the seed, it is immobilized instantly and becomes part of the aggregate

- * We then launch similar walkers one-by-one and each of them stops upon hitting the cluster

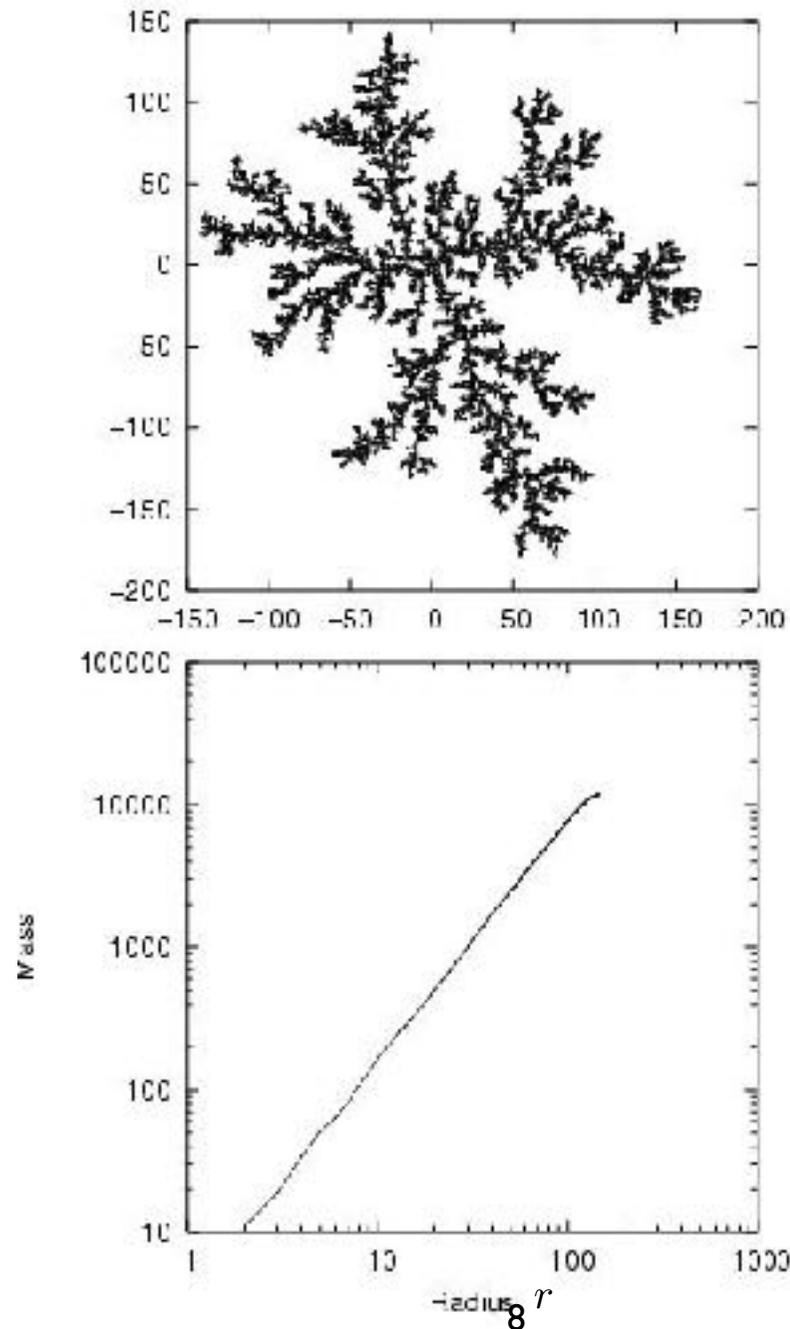
- * After launching a few hundred particles, a cluster with intricate branch structures results



DLA: algorithm - details

- We launch walkers from a “launching circle” which inscribes the cluster
- They are discarded if they wander too far and go beyond a “killing circle”
- The diffusion is simulated by successive displacements in independent random directions
- At every step, the walker which would aggregate is checked to detect any overlapping with the particles on the cluster

DLA: results



(mass M of the cluster =
number of particles N)

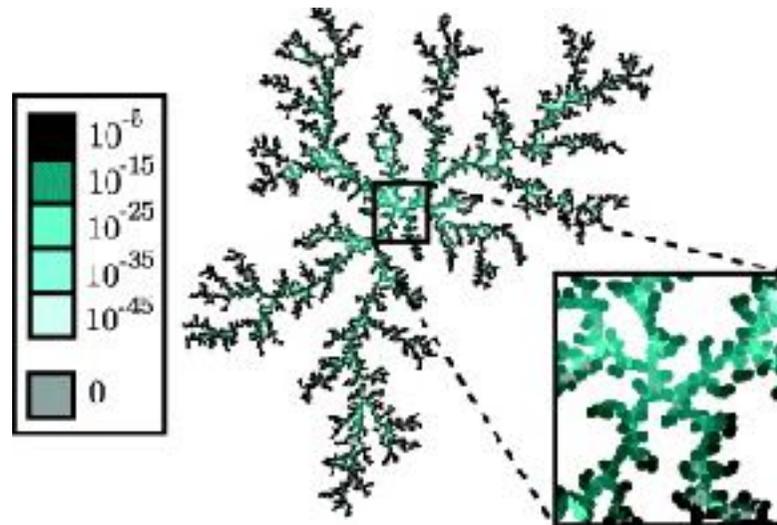
$$\ln N \propto \ln r$$

\Downarrow

$$N \propto r^k$$

DLA: interesting quantities

- in a “normal” 2D object: $N \propto r^2$
- FRACTAL DIMENSION: the number of particles N with respect to the maximum distance r of a particle of the cluster from its center of mass is $N \propto r^{D_f}$, with $1 < D_f < 2$



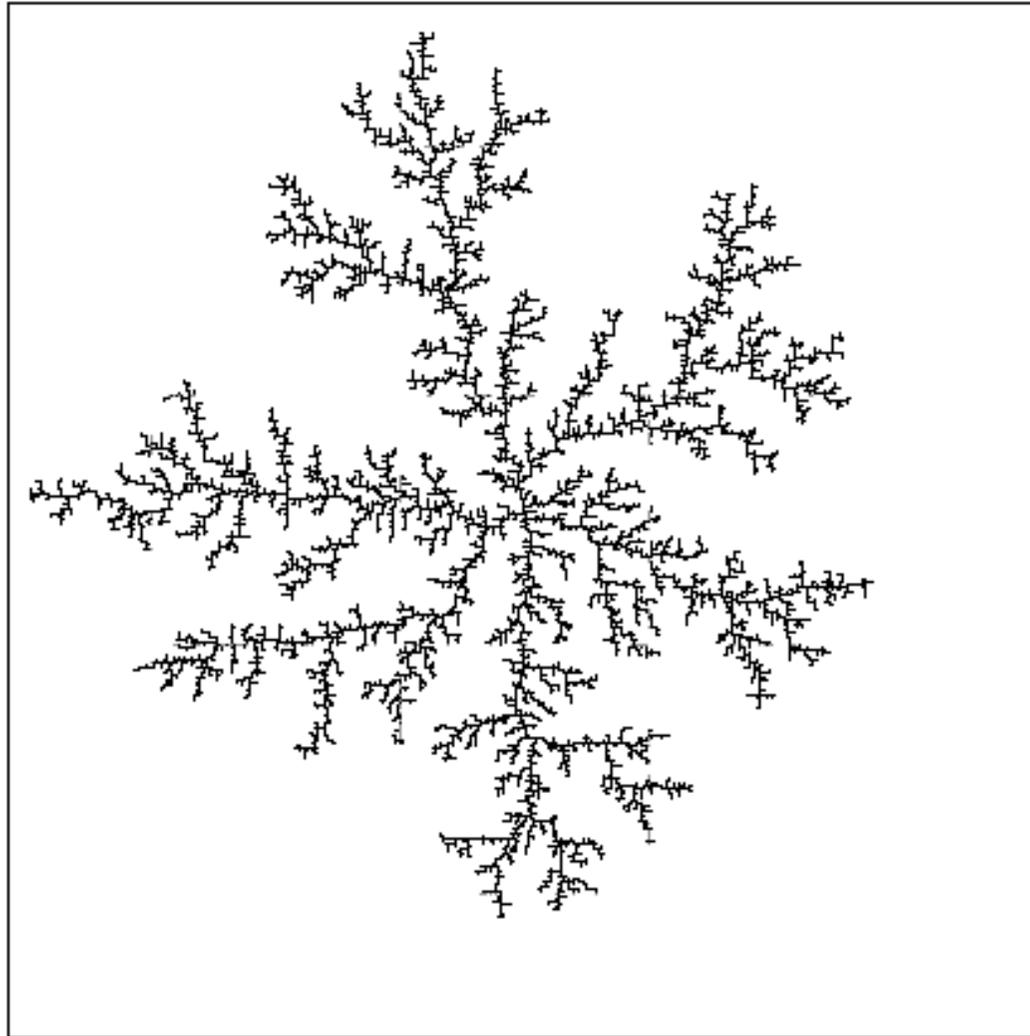
DLA: algorithm - details II

- the simplest DLA models: diffusion on a lattice. On a **square lattice**, 4 adjacent sites are available for the diffusing particle to stick
- modification: the particle will stick with certain probability (the “**sticking coefficient**”) - to simulate somehow the surface tension
- another modification: with a sort of Brownian diffusion in the continuum

DLA: results

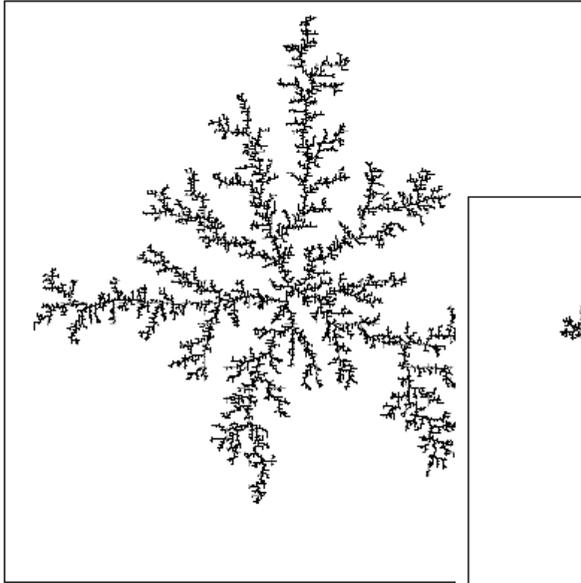
$$1 < D_f = 1.6 < 2$$

Sticking Coefficient $\xi = 1$.

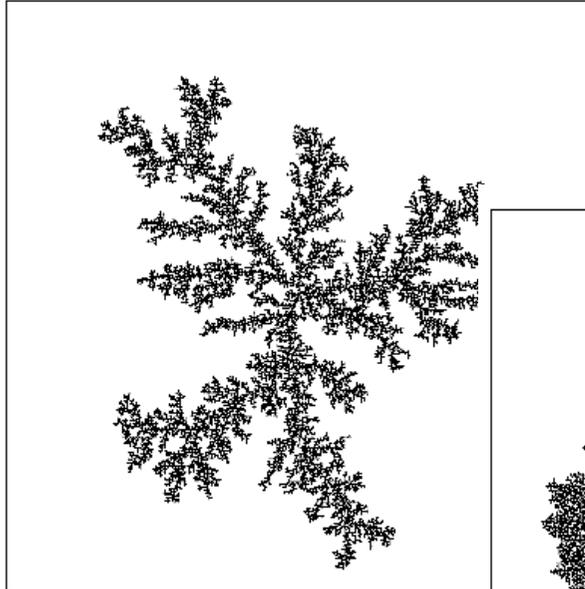


DLA: results

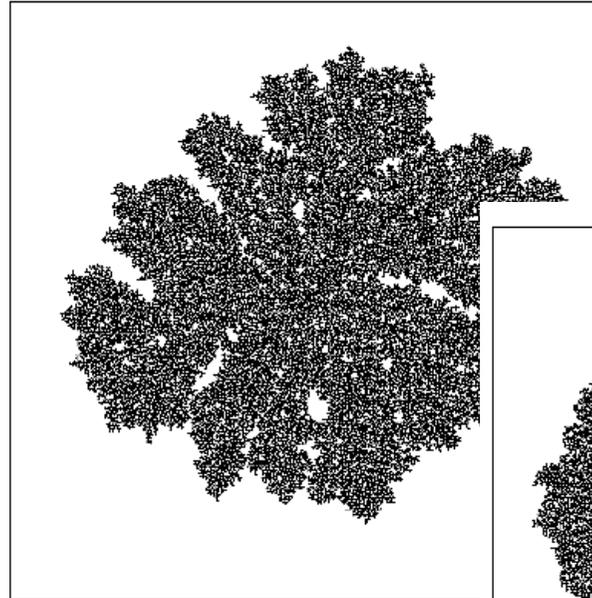
Sticking Coefficient $\xi = 0.5$



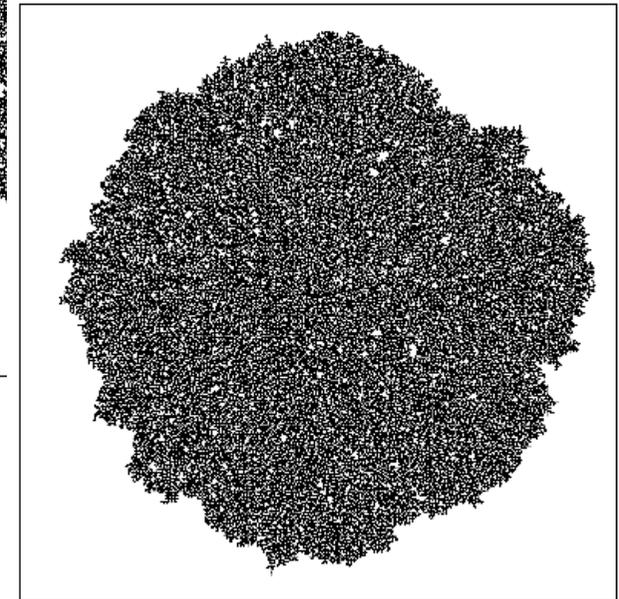
Sticking Coefficient $\xi = 0.1$



Sticking Coefficient $\xi = 0.01$

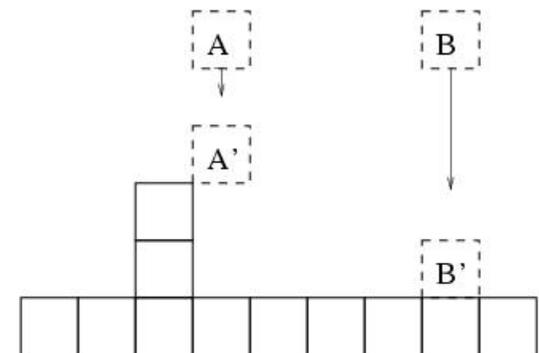
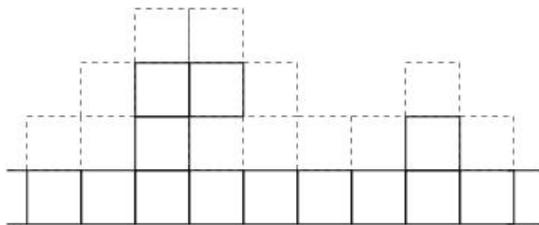
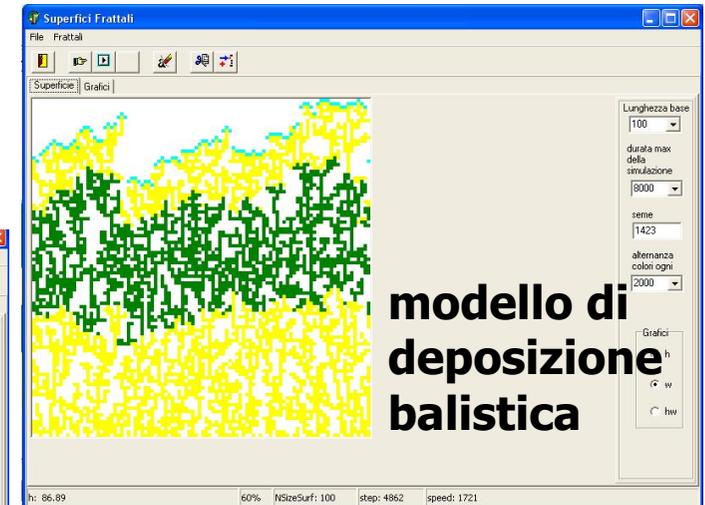
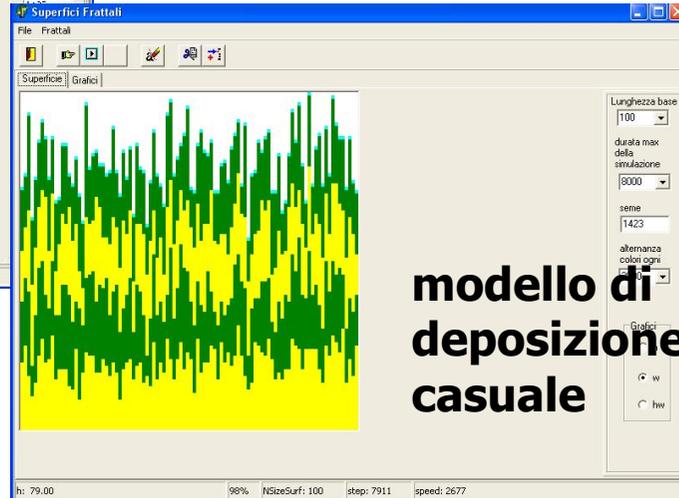
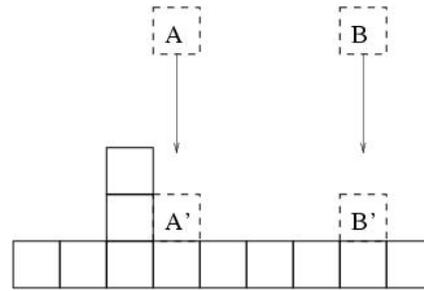
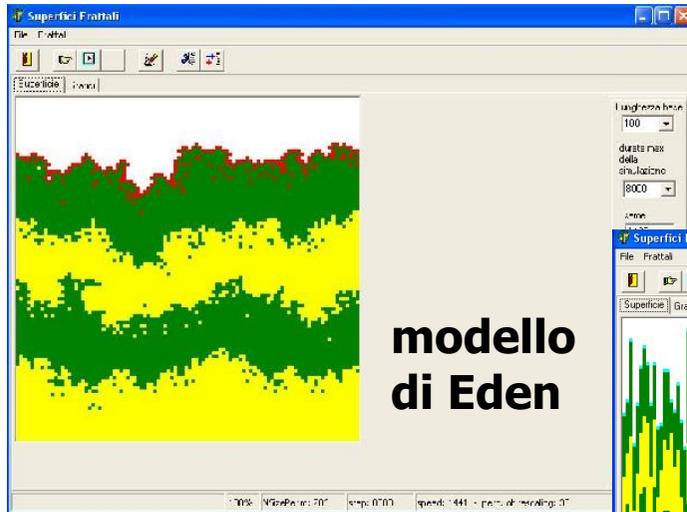


Sticking Coefficient $\xi = 0.001$



$D_f \rightarrow 2$
as the sticking coeff. $\rightarrow 0$

Models of surface growth



see e.g. Barabasi & Stanley, *Fractal concepts in surface growth*, Cambridge University Press

Models of surface growth

The Eden model - algorithm:

- (a) choose randomly a lattice site and occupy it. The *nearest neighbor sites* of the occupied site (i.e. 4 sites in case of a square lattice) are the *perimetral sites*.
- (b) choose randomly a *perimetral site* and occupy it. When occupied, it is no longer a *perimetral site*: update the list of *perimetral sites* with the new ones. Repeat from (1).

Interesting quantities:

Average height:
$$\bar{h} = \frac{1}{N_s} \sum_{i=1}^{N_s} h_i$$

Roughness:
$$w^2 = \frac{1}{N_s} \sum_{i=1}^{N_s} (h_i - \bar{h})^2,$$

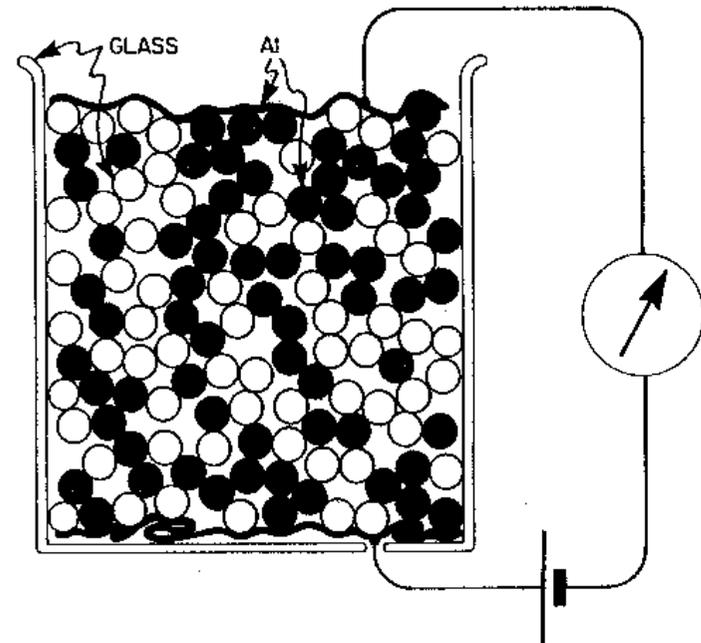
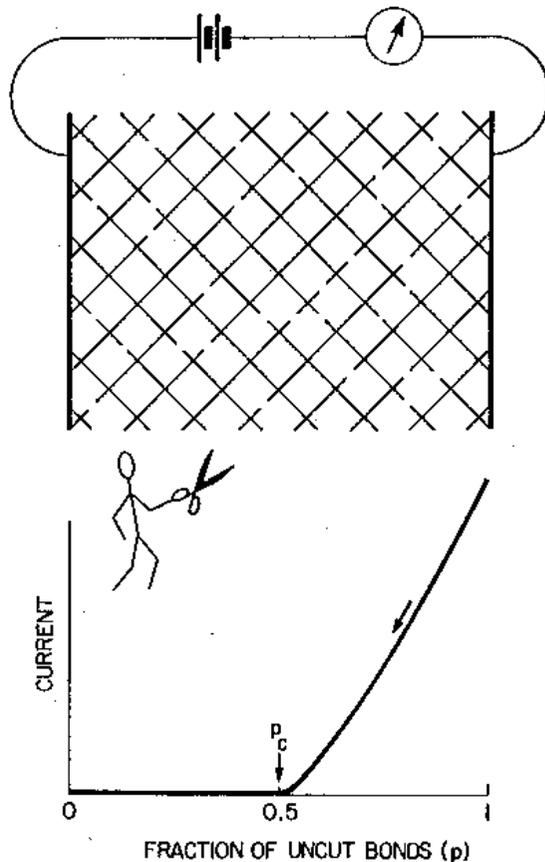
Modelling other random processes

- Fractals & Diffusion Limited Aggregates
- **Percolation**
- genetic algorithms
- Evolutionary stochastic models (prey-predator and epidemiologic) and deterministic version (Lotka-Volterra, Wa-Tor, Reed-Frost...)

M. Peressi - UniTS - Laurea Magistrale in Physics
Laboratory of Computational Physics - Unit XII

Percolation

geometric connectivity in a stochastic system;
modeling threshold and transition phenomena



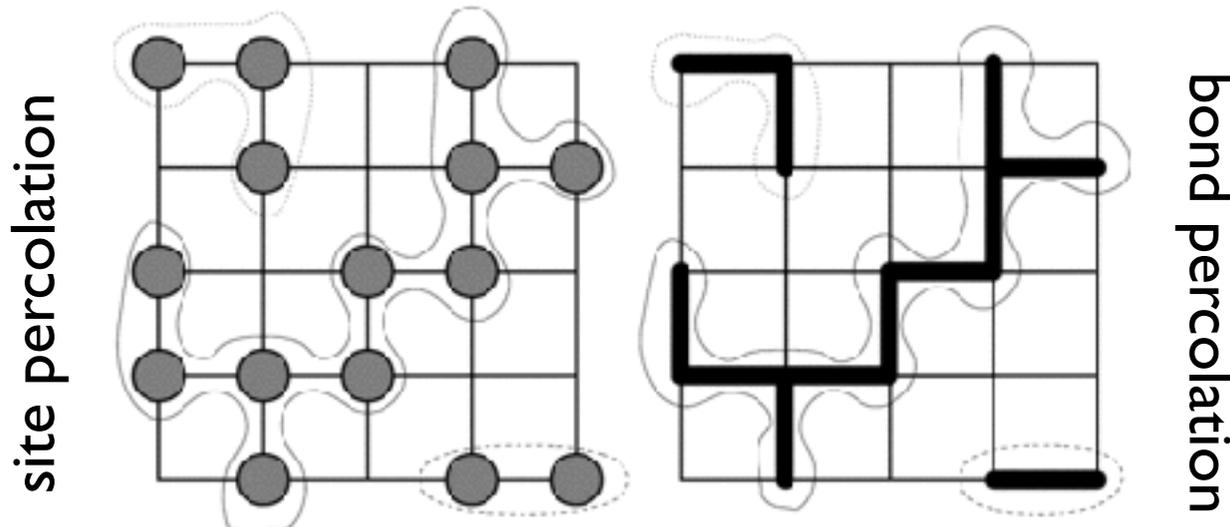
existence of a critical occupation fraction P_c above which spanning clusters occur (in nature: mixtures of conducting/insulating spheres...; resistor networks..)

Percolation

- metal/insulator threshold behavior in resistor networks (discrete percolation) and in alloys (continuous percolation)

Other examples:

- fluid adsorption in a porous medium
- spreading of a disease in a population
- spreading of a forest fire...
- liquid/glass transition...
- ...



By Rudolf A. Römer

Percolation

Definitions:

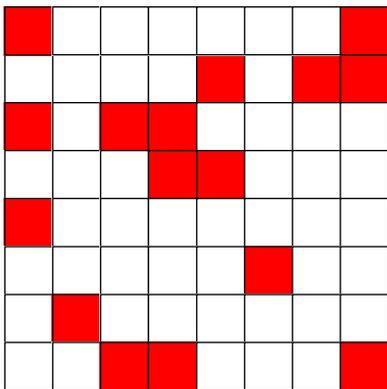
p: occupation probability of each identity (site, bond)

Cluster: group of identities (sites, bonds,...) connected by nearest neighboring bonds

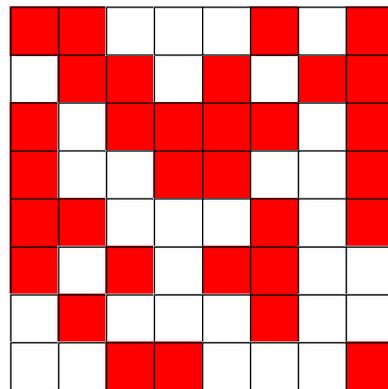
Percolating clusters: connecting two boundaries

which is the critical percolation threshold p_c ?

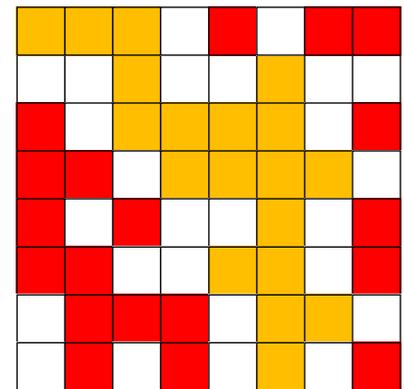
Example of site percolation on a lattice:



$L = 8$ $p = 0.25$



$L = 8$ $p = 0.50$



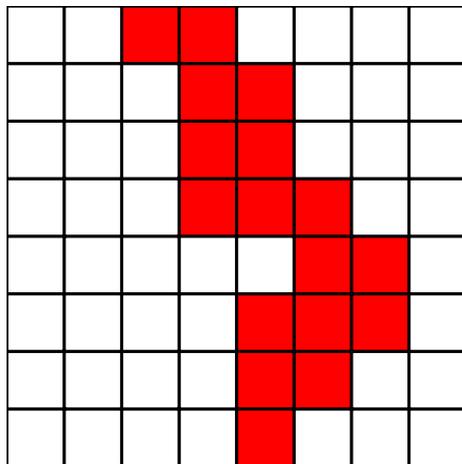
$L = 8$ $p = 0.60$

Percolation threshold

p_c depends on the criteria (different possibilities):

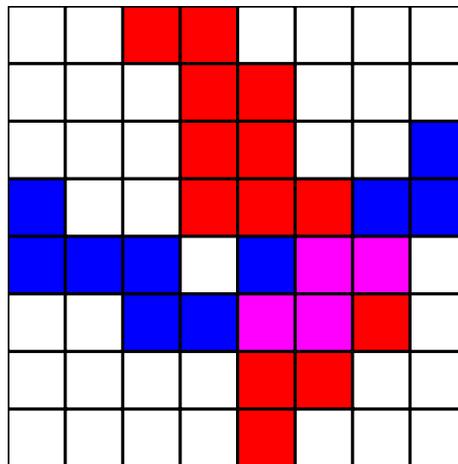
Connection along one fixed direction

 Percolazione verticale



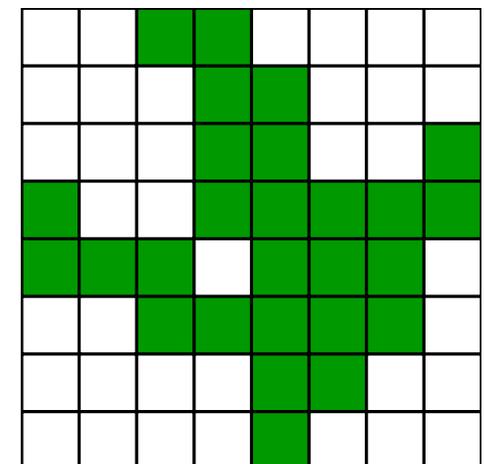
Connection along one (any, horizontal or vertical) direction

 Percolazione verticale  Percolazione orizzontale



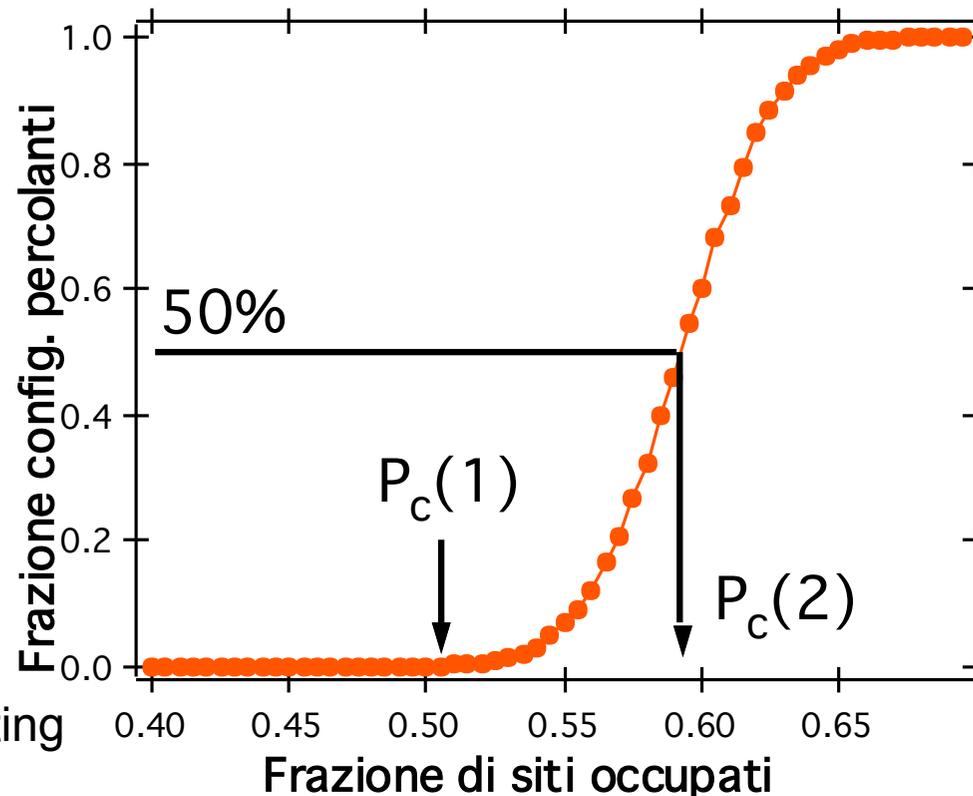
Connection in all directions

 Percolazione in entrambe le direzioni



Percolation threshold

p_c depends on the criteria (different possible):



$P_c(1)$:
fraction of
occupied sites
when the first percolating
cluster is established

$P_c(2)$:
fraction of
occupied sites
when 50% of the clusters
are percolating

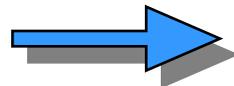
$$P_c(1) \equiv P_c(2) \quad \text{for} \quad L \rightarrow \infty$$

Monte Carlo approach

fix $L \Rightarrow$ Lattice
description

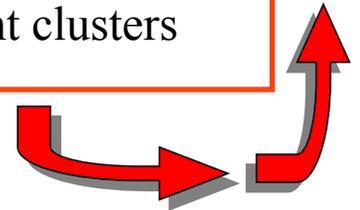
fix $p \Rightarrow$ Site (or bond)
filling accordingly

Identification and
characterization of the
clusters



```
do i,j=1,L
  r(i,j)=random(seed)
  if r(i,j) < p then index (i,j) = -1
  if r(i,j) > p then index (i,j) = 0
end do
```

use some algorithm
of cluster labelling to identify
the different clusters



generation of many
configurations for each p

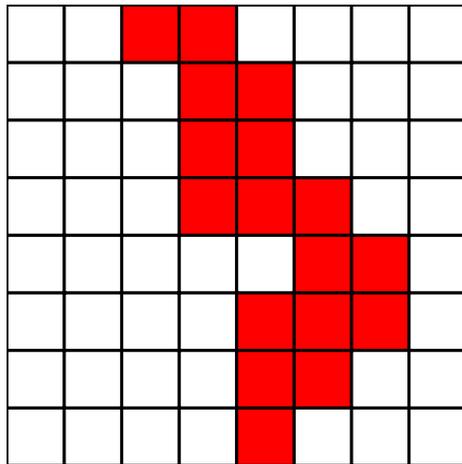
data analysis;
account for size effect (vary L)!

Results

for different percolation criteria and different size

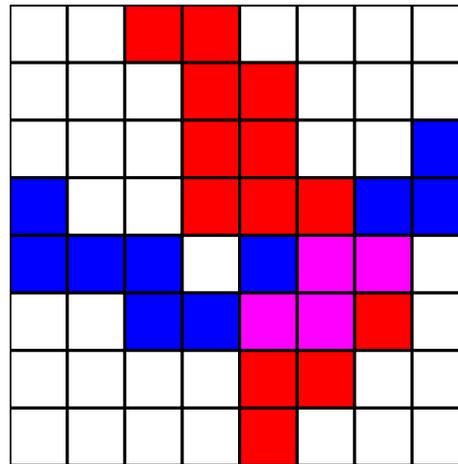
Connection along one fixed direction

Percolazione verticale



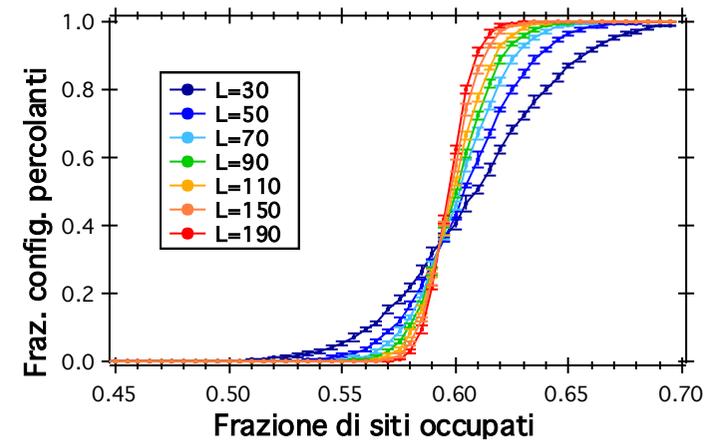
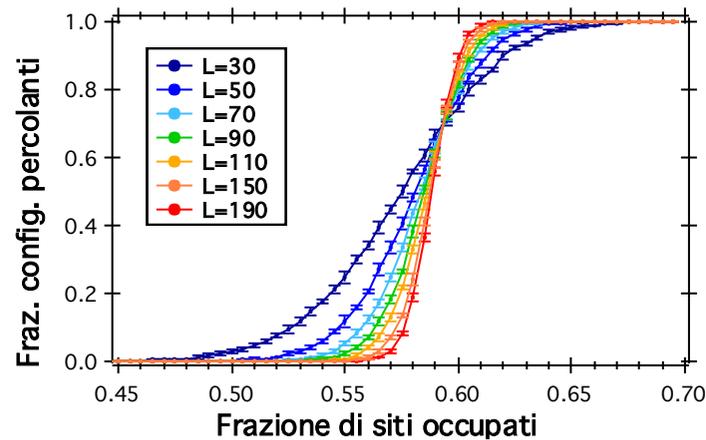
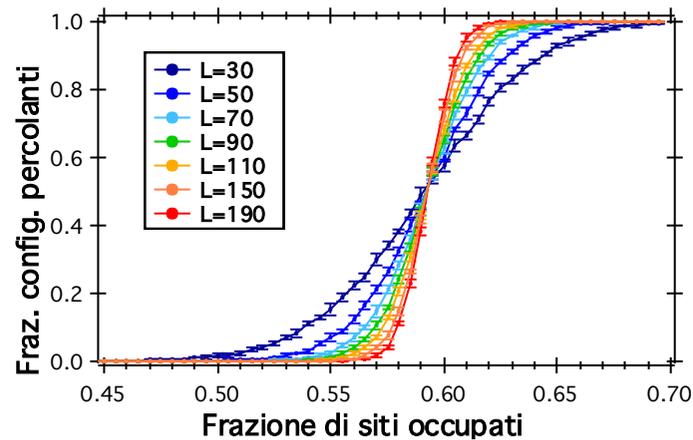
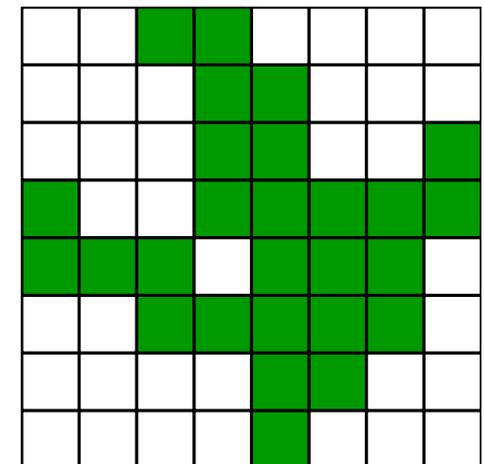
Connection along one (any, horizontal or vertical) direction

Percolazione verticale Percolazione orizzontale



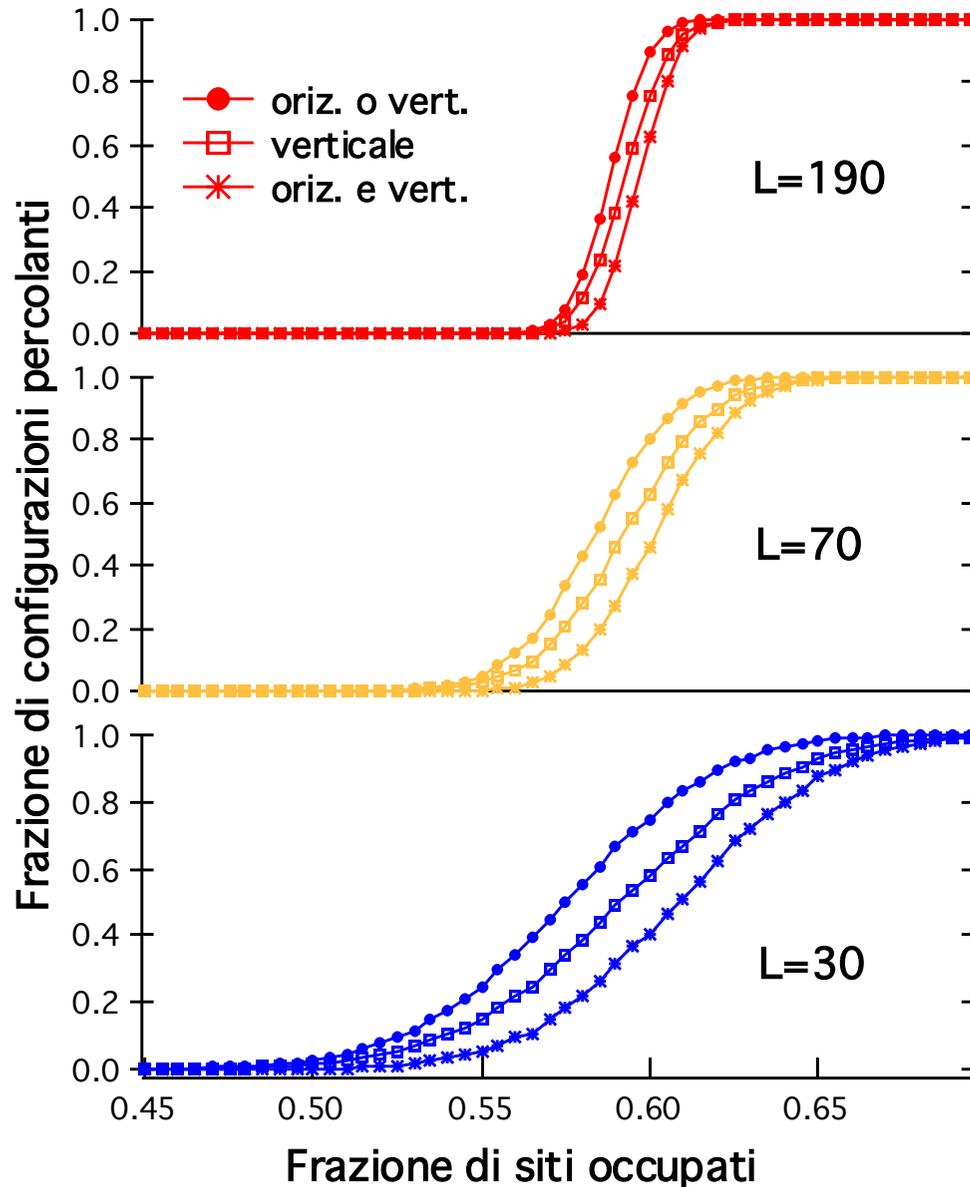
Connection in all directions

Percolazione in entrambe le direzioni



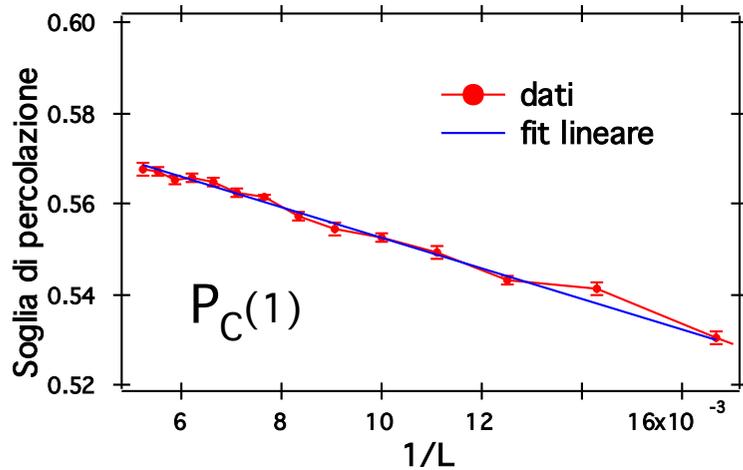
Results

for different percolation criteria and different size



Results

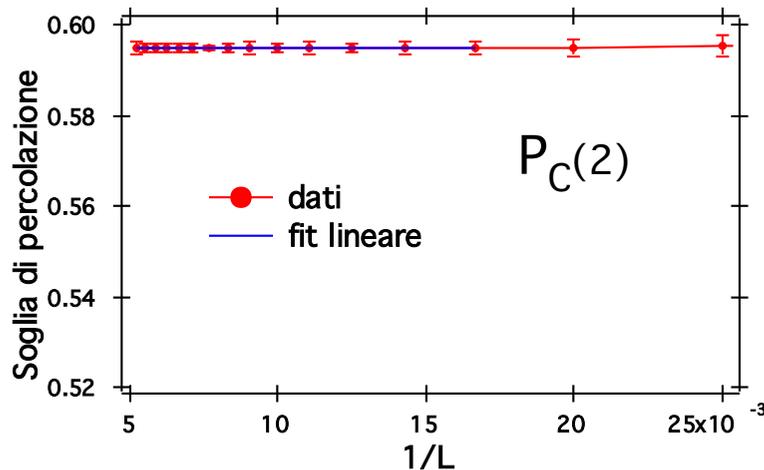
for different percolation criteria and different size



extrapolate the behavior for

$$L \rightarrow \infty$$

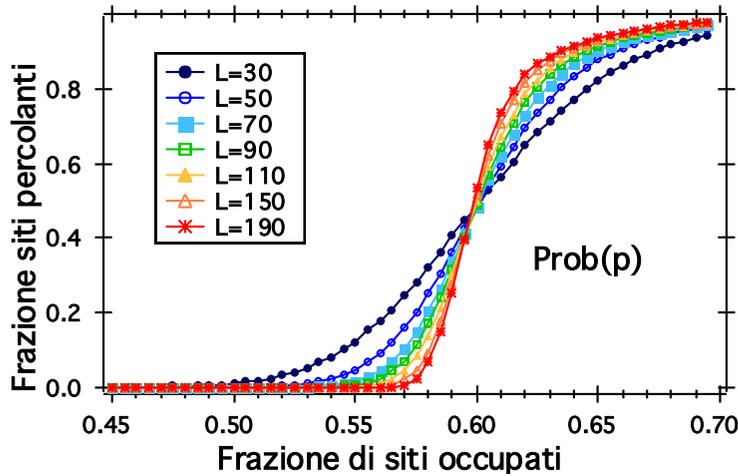
$$1/L \rightarrow 0$$



$$P_C^\infty(1) = P_C^\infty(2) = 0.59 \pm 0.05$$

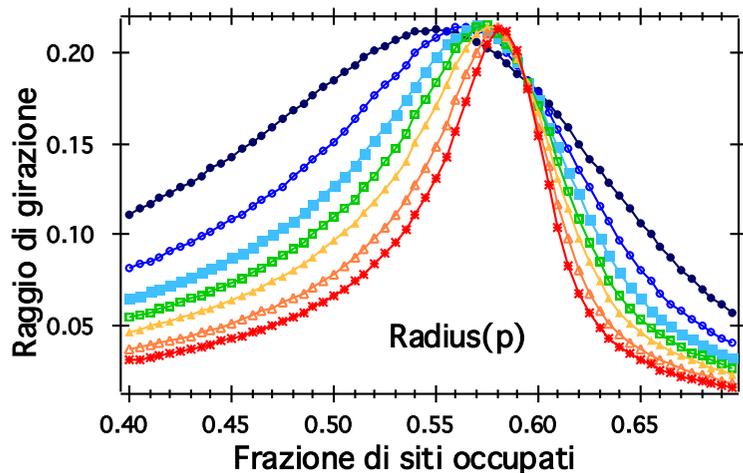
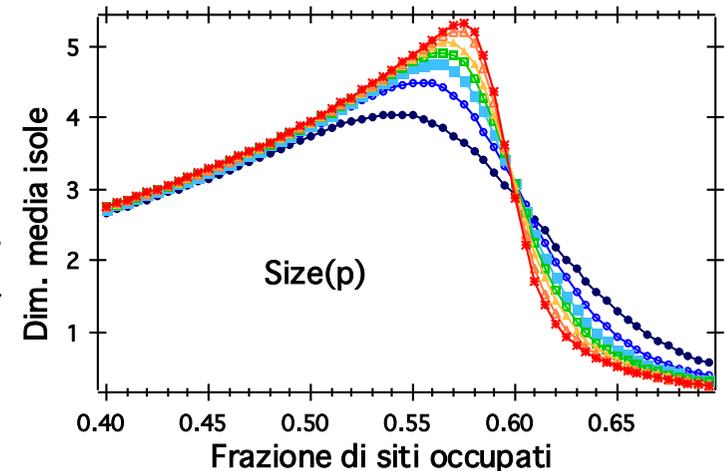
Results

other interesting quantities



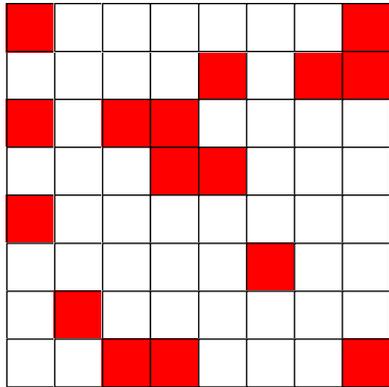
probability $\text{Prob}(p)$ for a site to be included in a percolating cluster

average size $\text{Size}(p)$ of a non-percolating cluster

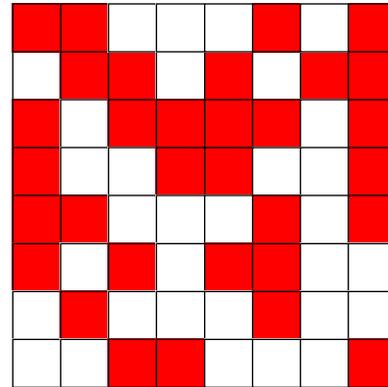


radius of gyration $\text{Radius}(p) = \sqrt{\frac{\sum_i^N (\vec{r}_i - \vec{r}_{cm})^2}{N}}$

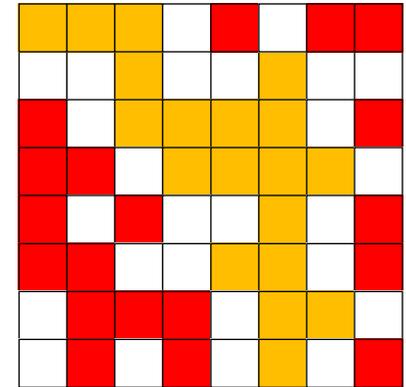
Cluster labelling



$L = 8$ $p = 0.25$



$L = 8$ $p = 0.50$



$L = 8$ $p = 0.60$

The (non trivial) part of the model:
choose a smart algorithm to identify and label the clusters
made of adjacent occupied sites

Cluster labelling

	↖		
1			2
1			2

(1): span all the cells
(here: left => right
and bottom => up)
and start labeling

		3	?
1			2
1			2

(2): attribute the minimum cluster label
to cells neighboring to different clusters

		3	2
1			2
1			2

↖ 5			6
	4		
		2	2
1			2
1			2

(3): refine labeling

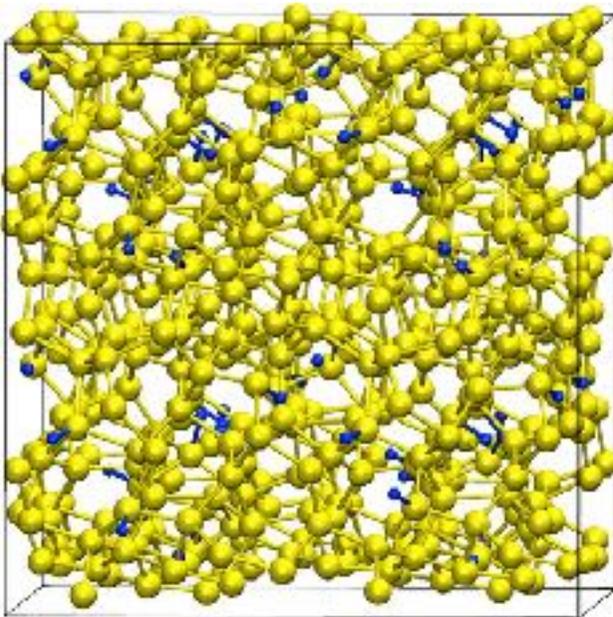
Hoshen- Kopelman algorithm for clusters labelling

Example of application in solid state physics

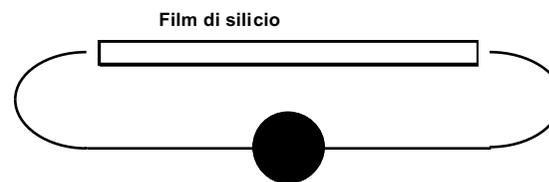
Dynamical Percolation Model of Conductance Fluctuations in Hydrogenated Amorphous Silicon

L.M. Lust e J. Kakalios, Phys. Rev. Lett. 75, 11 (1995)

Fluttuazioni di conduttività nel silicio amorfo idrogenato ($a\text{-Si:H}$) sono simulate utilizzando un modello dinamico di diffusione di resistenze in un reticolo in condizioni di soglia di percolazione. Una frazione di siti di reticolo è designata come una trappola tale per cui quando un resistore diffonde in una di esse, rimane localizzato per un periodo finito di tempo.



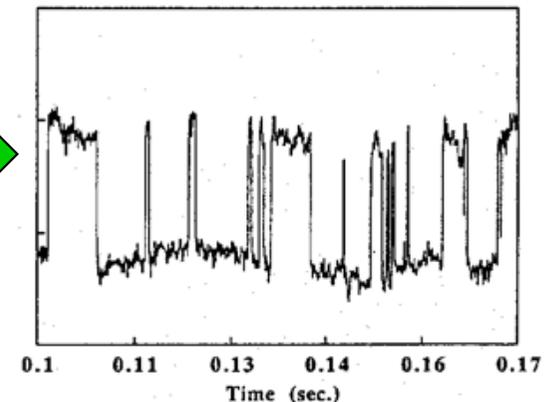
A model of $a\text{-Si:H}$ from
<https://doi.org/10.1016/j.commatsci.2018.08.027>

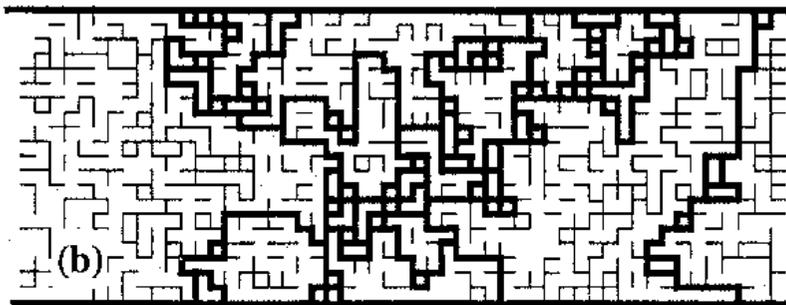
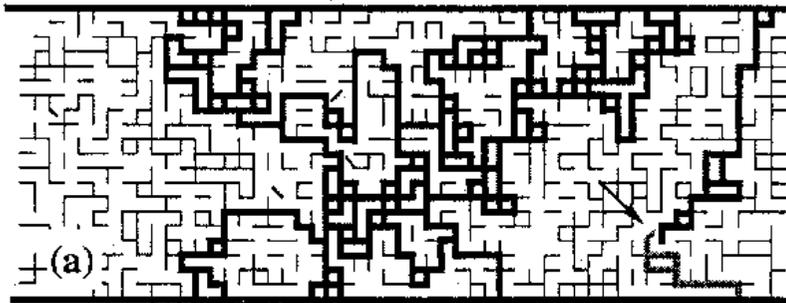


Fluttuazioni di tipo "telegrafico"



Fluttuazioni di conduttività
misurate sperimentalmente

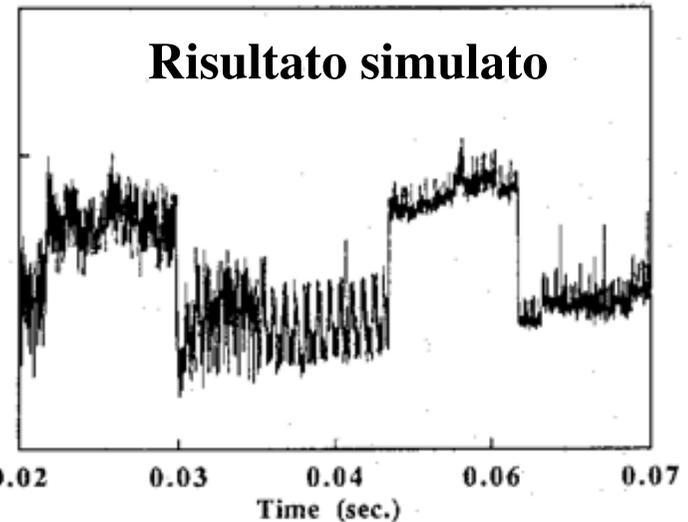
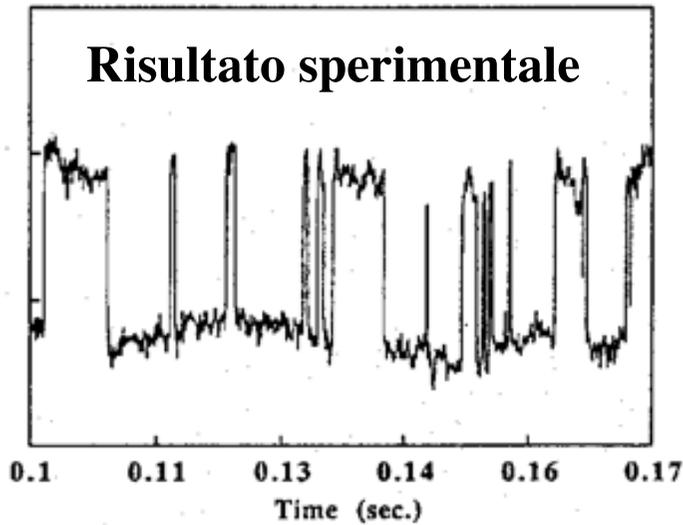




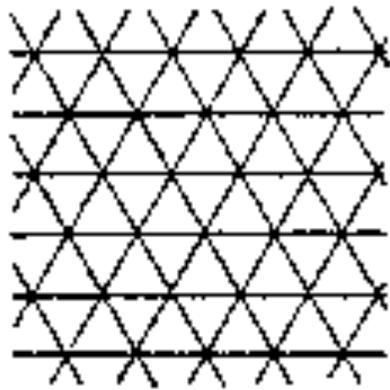
Rete casuale di resistenze
con $P \sim P_C$ (fisso)

Configurazione dopo
un riarrangiamento
casuale dei legami

Diffusione H: Creazione/distruzione
canali di conduttività



Percolation on different lattices

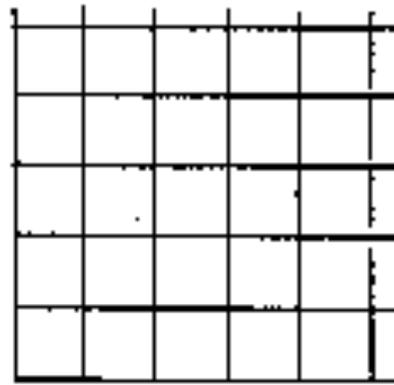


TRIANGULAR

$z = 6$

$$p_c^{\text{BOND}} = 0.3473$$

$$p_c^{\text{SITE}} = 0.5000$$

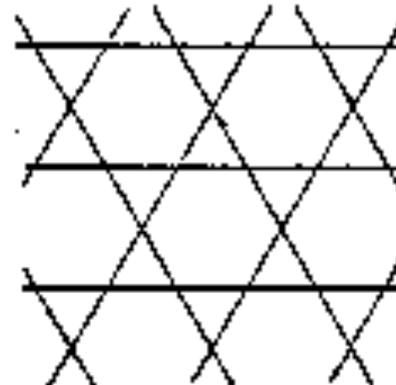


SQUARE

$z = 4$

$$p_c^{\text{BOND}} = 0.5000$$

$$p_c^{\text{SITE}} = 0.593$$



KAGOMÉ

$z = 4$

$$p_c^{\text{BOND}} = 0.45$$

$$p_c^{\text{SITE}} = 0.6527$$



HONEYCOMB

$z = 3$

$$p_c^{\text{BOND}} = 0.6527$$

$$p_c^{\text{SITE}} = 0.70$$

Modelling other random processes

- Fractals & Diffusion Limited Aggregates
- Percolation
- **genetic algorithms**
- Stochastic models (prey-predator and epidemiologic) and deterministic version (Lotka-Volterra, Wa-Tor, Reed-Frost...)

M. Peressi - UniTS - Laurea Magistrale in Physics
Laboratory of Computational Physics - Unit XII

Algoritmi genetici

un problema di ottimizzazione

idea: applicare i principi dell'evoluzionismo naturale a sistemi artificiali, codificando in modo numerico configurazioni di input, processi evolutivi, soluzioni, etc etc

Un po' di terminologia:

- popolazione
- genoma
- fitness
- processi di:
crossover, mutazione,

Popolazione
(1 riga = 1 individuo)

genoma

0	1	0	1	0	1	0	1
1	0	1	1	0	0	0	0
1	0	1	1	0	1	1	0

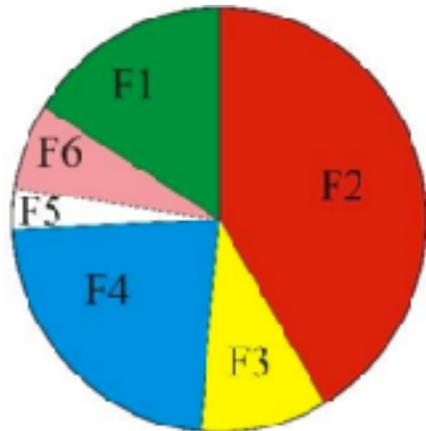
1. Generazione casuale di una popolazione iniziale costituita da un certo numero di “individui”, ognuno con un certo “genoma”;
- 2.
- 3.

Popolazione (1 riga = 1 individuo)

genoma								fitness
0	1	0	1	0	1	0	1	4
1	0	1	1	0	0	0	0	3
1	0	1	1	0	1	1	0	5

1. Generazione casuale di una popolazione iniziale costituita da un certo numero di “individui”, ognuno con un certo “genoma”;
2. ciascun individuo ha una propria **fitness**, che è un indice della qualità della “soluzione” che egli rappresenta; es: $0+1+0+1+0+1+0+1=4$
- 3.

	genoma								fitness
genitore	0	1	0	1	0	1	0	1	4
	1	0	1	1	0	0	0	0	3
genitore	1	0	1	1	0	1	1	0	5



1. Generazione casuale di una popolazione iniziale costituita da un certo numero di “individui”, ognuno con un certo “genoma”;
2. ciascun individuo ha una propria **fitness**, che è un indice della qualità della “soluzione” che egli rappresenta; es: $0+1+0+1+0+1+0+1=4$
3. Inizio di ciclo evolutivo ha inizio: la **selezione** simula la selezione naturale darwiniana. Ogni individuo (potenziale genitore) ha una probabilità di essere selezionato proporzionale alla fitness (\Rightarrow *roulette wheel*). I selezionati sono considerati “genitori” e danno luogo a “nuovi individui”.

	genoma								fitness
genitore	0	1	0	1	0	1	0	1	4
genitore	1	0	1	0	0	0	0	0	3
genitore	1	0	1	1	0	1	1	0	5

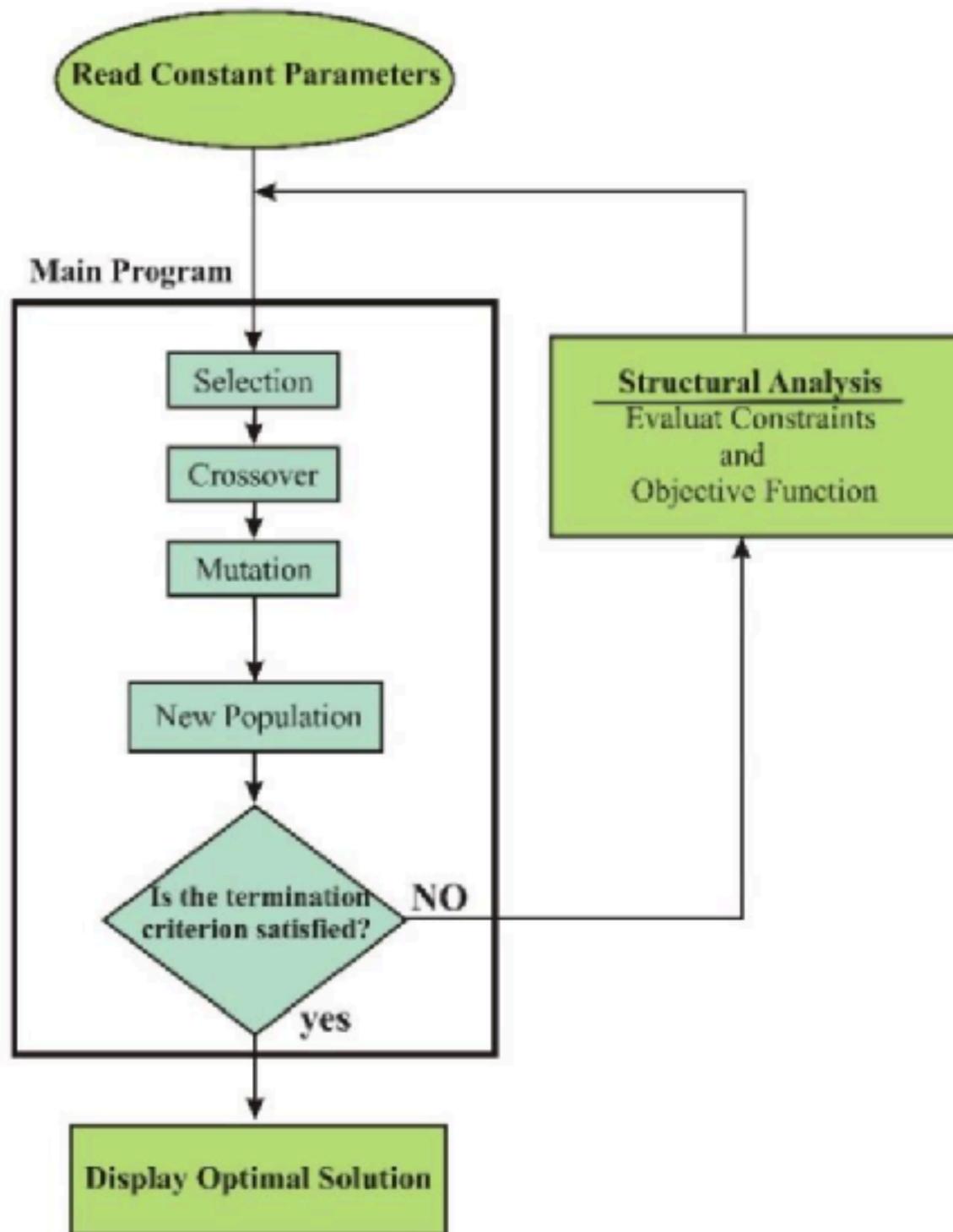
Dopo il crossover:

0	1	1	1	0	1	0	1
1	0	0	1	0	1	0	1

Dopo la mutazione:

0	1	1	1	0	1	0	1
1	0	0	1	1	1	0	1

- la ricombinazione (*crossover*) agisce sulla popolazione intermedia dei genitori accoppiandoli due a due e scambiandone porzioni di DNA;
- Una *mutazione* può cambiare singoli elementi costitutivi del filamento di DNA e li muta in nuovi;
- l'algoritmo ricomincia e può procedere anche fino all'infinito: si decide un certo criterio di stop (soddisfatta una certa richiesta, ad es. Una certa fitness media)

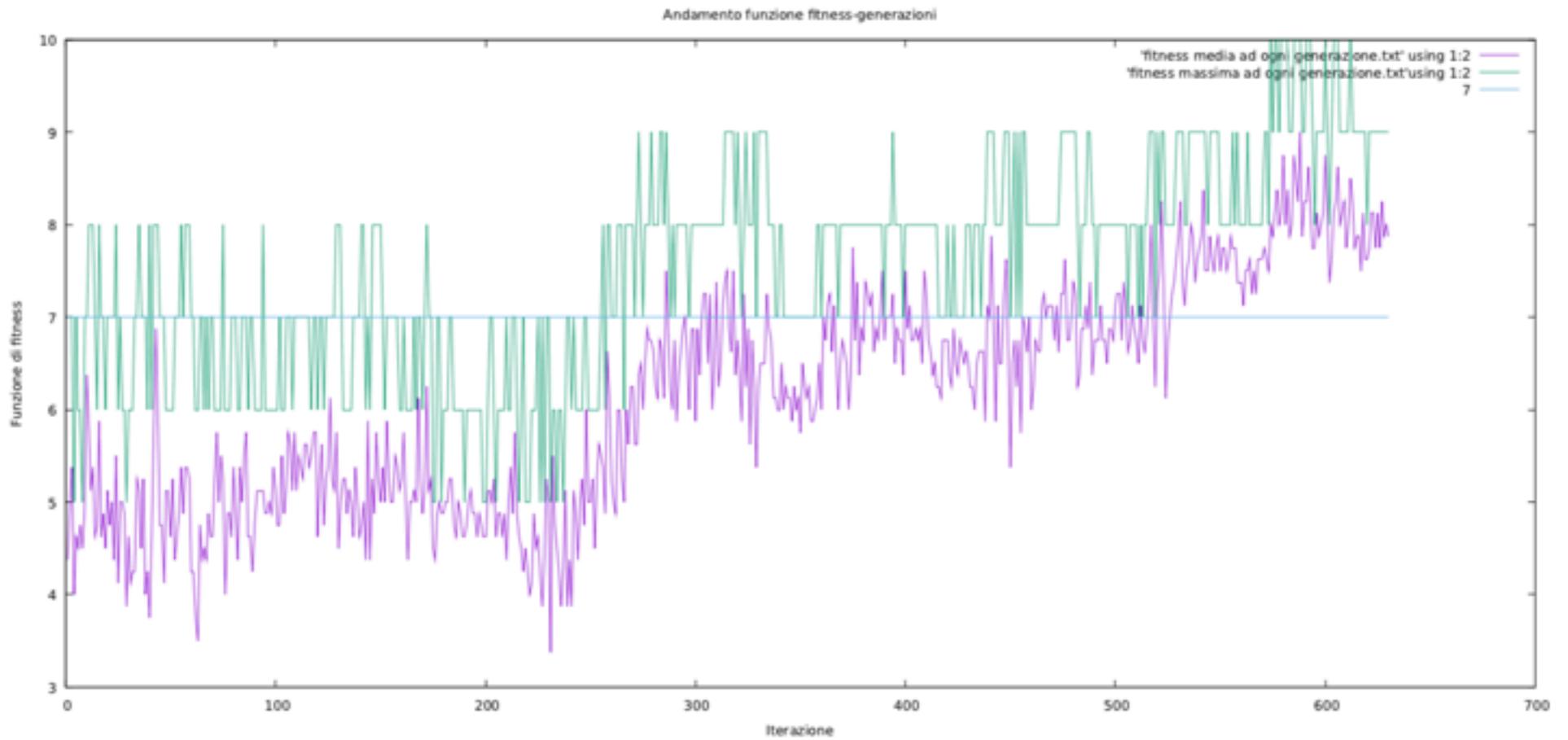




Non esistono dei risultati teorici certi riguardo al numero ottimale della popolazione per un determinato problema, così come non è chiaro quale sia il metodo migliore per scegliere il valore delle probabilità di crossover e mutazione. In genere si procede per via empirica a seconda delle caratteristiche del particolare problema.

PROVARE TEST CON:

- popolazione: da 100 a 10000 (dipende molto dal problema);
- - P_{cross} : circa 0.8;
- - P_{mut} : attorno a 0.01.



#popolazione iniziale = 10, #genitori = 8, Pcross=0.6. Pmut=0.001

Modelling other random processes

- Fractals & Diffusion Limited Aggregates
- Percolation
- genetic algorithms
- **Evolutionary stochastic models (prey-predator and epidemiologic) and deterministic version (Lotka-Volterra, Wa-Tor, Reed-Frost...)**

M. Peressi - UniTS - Laurea Magistrale in Physics
Laboratory of Computational Physics - Unit XII

Dinamica evolutiva di popolazioni (un esempio recentissimo...)



Rhizostoma pulmo - golfo di Trieste, aprile 2022

“... abbiamo depauperato in modo significativo le popolazioni di pesci, con la pesca industriale, lasciando più spazio alle meduse, che si nutrono degli stessi microrganismi che mangiano le larve dei pesci, all'inizio del ciclo biologico. Alterando l'ecosistema, abbiamo di fatto sottratto un competitor per le meduse, passando gradualmente da un mare di pesci a un mare di meduse...” (F. Boero, Univ. Federico II Napoli; citazione da “la Repubblica”, 26 aprile 2022)

Dinamica evolutiva di popolazioni

(un altro esempio, famoso e ben studiato)

Volterra, V. (1926). **Variations and fluctuations of individuals of animals living together**. In *Animal ecology, with special reference to insects* (Chapman, R.N., ed.), pp. 409–448 (McGraw Hill, New York).

Andamento di alcune statistiche di pesca dei porti del Nord Adriatico relative al periodo 1905-1923:

osservato un **anomalo aumento di pesci “grandi”**, cioè predatori, durante gli anni della guerra e in quelli immediatamente successivi

=> **quale spiegazione???** Insoddisfacente imputarlo al solo aumento dell'attività umana, quindi da fattori esterni all'ecosistema

strada alternativa: **modellizzazione** comprensiva anche di fattori interni

(v. anche Alfred J. Lotka, 1925)

Modello deterministico prede-predatori Lotka-Volterra

sistema di equazioni differenziali non lineari del prim'ordine, accoppiate tra loro.

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = Ax(t) - Bx(t)y(t) \\ \frac{dy(t)}{dt} = -Cy(t) + Dx(t)y(t) \end{cases}$$

- $A, B, C, D > 0$;
- $x(t)$ è la popolazione della specie predata. In assenza di predatori, essa cresce secondo un modello malthusiano, cioè aumenta in modo incontrollato (modello poco realistico, ipotesi di risorse e capacità riproduttive infinite);
- $y(t)$ è la popolazione della specie predatrice. In assenza di prede essa diminuisce fino all'estinzione (questo è il motivo per cui C è preceduto da un meno);
- $x(t)y(t)$ è la probabilità di incontro tra le due specie: i coefficienti B e D tuttavia non sono uguali tra loro e rappresentano rispettivamente la probabilità di fuga e di cattura;
- essendo un modello di popolazione, $x(t) > 0$ ed $y(t) > 0$.

Il sistema è deterministico, è quindi possibile utilizzare gli strumenti dell'analisi per identificarne alcune caratteristiche peculiari.

Risolvendo le due equazioni omogenee:

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = 0 \\ \frac{dy(t)}{dt} = 0 \end{cases}$$

è possibile identificare due punti particolari, detti punti fissi.

- il primo punto corrispondente all'estinzione di entrambe le specie
- il secondo ?

Si può fare un grafico vettoriale

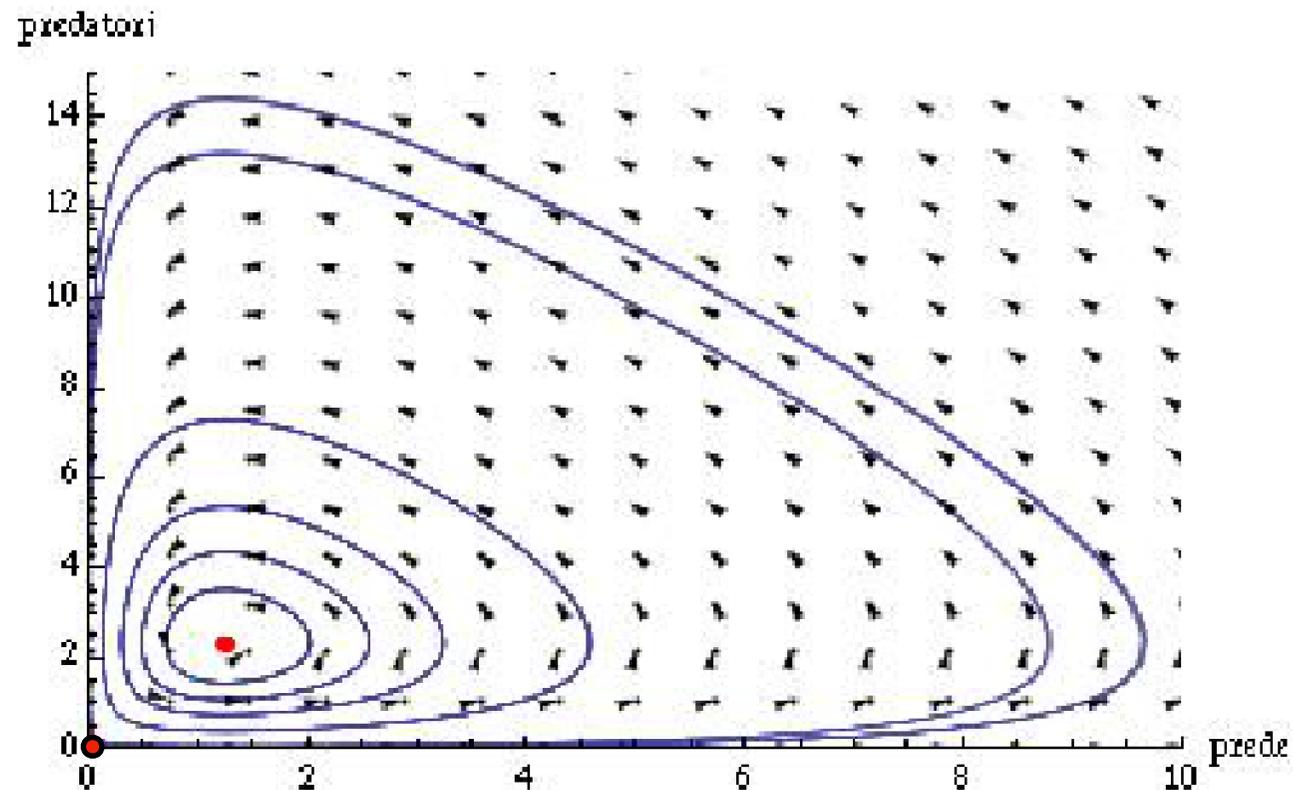


Illustrazione 2: Campo vettoriale nello spazio prede-predatori; sono evidenziati i punti fissi in rosso e alcune orbite del sistema, ottenute tramite integrazioni numerica delle equazioni

Le popolazioni di prede e predatori evolvono dunque in modo ciclico

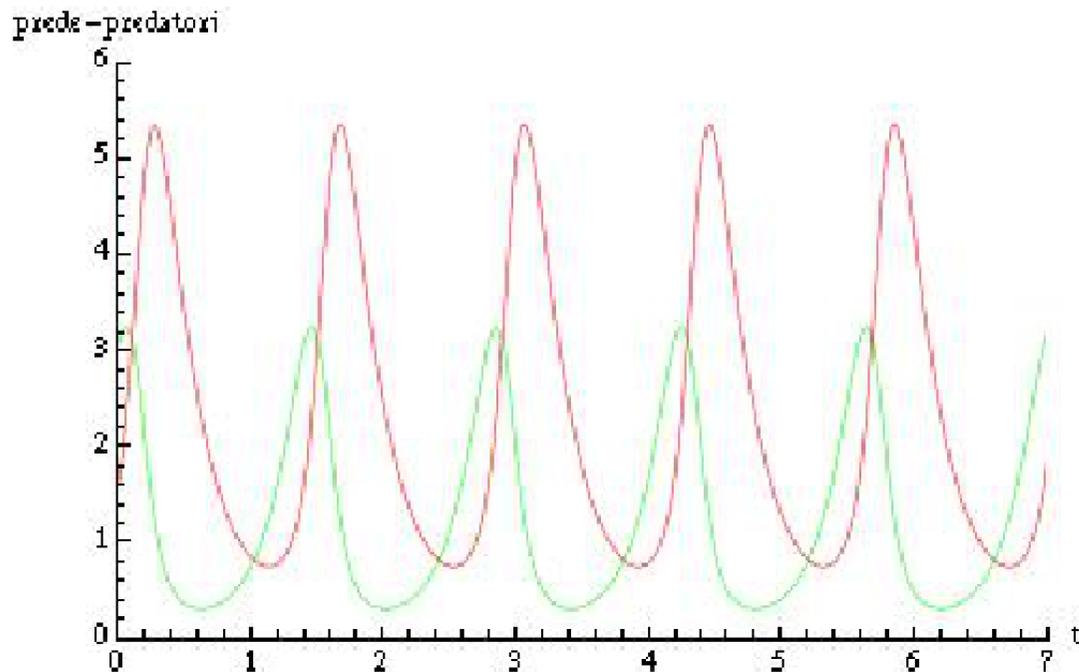


Illustrazione 3: Andamento delle popolazioni di prede (verde) - predatori (rosso) vs. tempo, nel caso di grandi oscillazioni (orbita più esterna del grafico precedente).

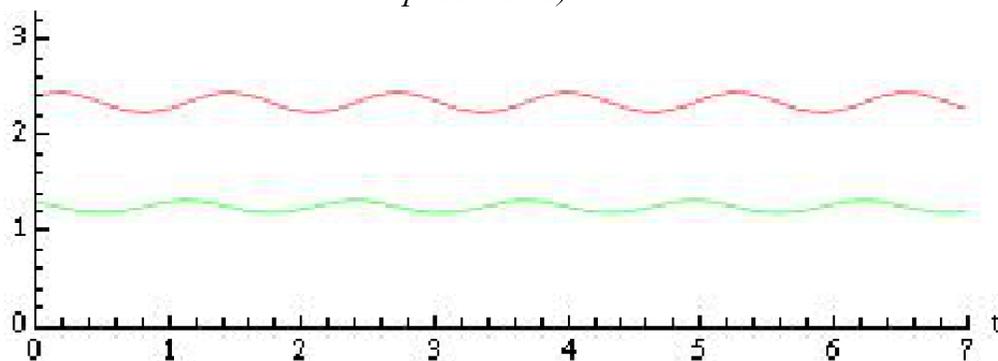


Illustrazione 4: Andamento delle popolazioni di prede (verde) - predatori (rosso) vs. tempo, nell'intorno del punto fisso centrale del grafico precedente.

Il massimo dei predatori è sempre sfasato in avanti rispetto al massimo delle prede.

Modello stocastico prede-predatori Wa-Tor

“pianeta” 2D con PBC (quindi toroidale), guerra tra due specie

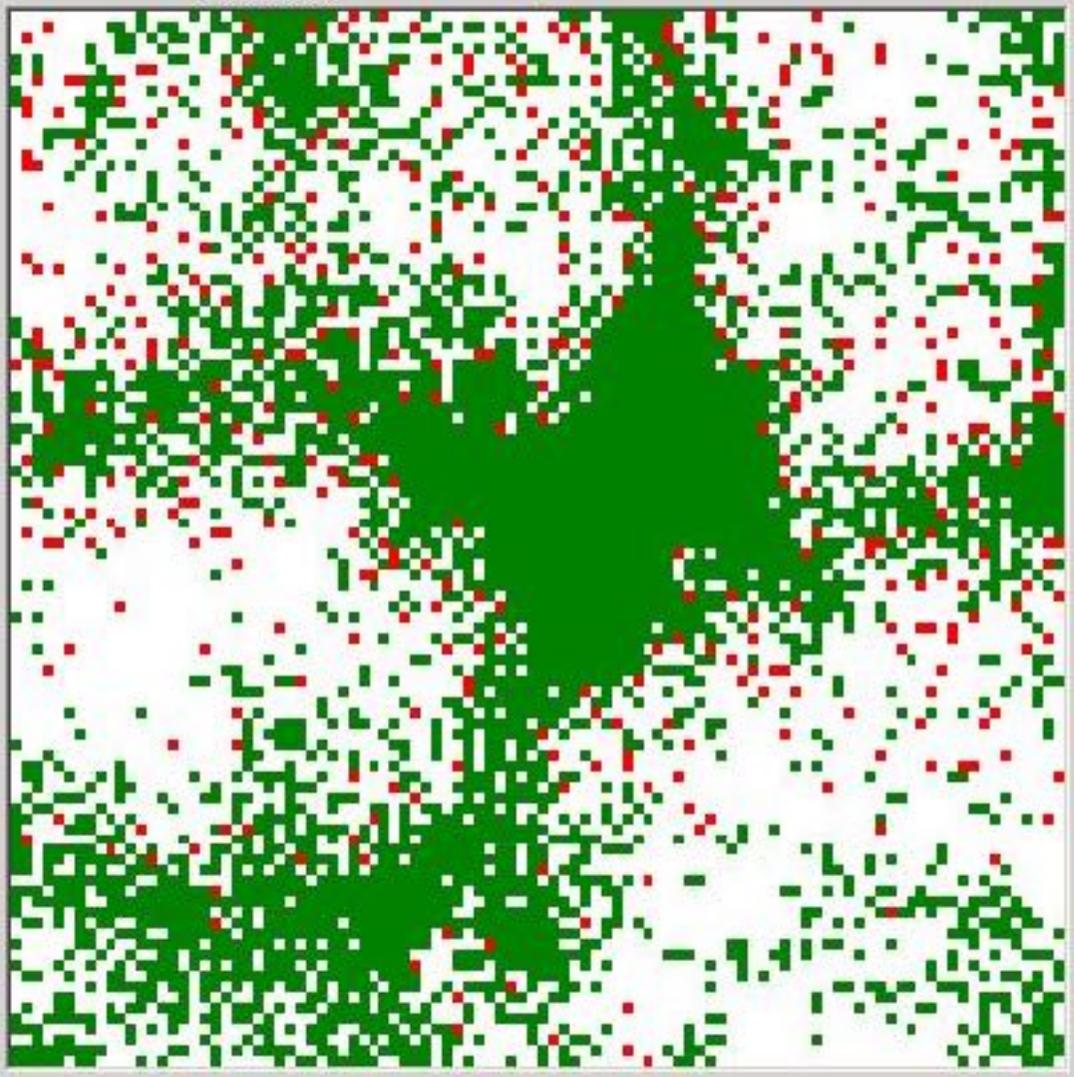
Modello su reticolo quadrato : ogni sito è vuoto o occupato da preda o predatore (=pesce o squalo).

Evoluzione con regole precise, e moto casuale tipo RW

- Per simulare la riproduzione vengono introdotti due parametri, **uno per ogni specie**: se un individuo sopravvive per un numero di step Monte Carlo multiplo del tempo di riproduzione, esso si riproduce, se ha dello spazio libero intorno a se'.
Ad ogni pesce e ad ogni squalo viene quindi attribuita un'età casuale compresa tra zero ed il periodo di riproduzione.
Per simulare infine la predazione ogni squalo deve mangiare un pesce (trovandosi nel suo stesso punto del reticolo) entro un certo numero di step (altro parametro), altrimenti muore (viene rimosso dal reticolo)



Lotka-Volterra Wa-Tor Grafici Wa-Tor



Lato del reticolo
100

Lupi
n° : 800
Tempo di riproduzione
8
Tempo max. di digiuno
4

Pecore
n° : 2500
Tempo di riproduzione
8

durata della simulazione
4000

seme
1423

- Il modello di **Lotka-Volterra** è definito su uno spazio, assunto omogeneo, nel quale le posizioni dei singoli individui non vengono prese in considerazione: quell'approccio rappresenta quindi una descrizione di tipo **campo-medio** del sistema, nel quale non vengono descritte le correlazioni spaziali tra gli individui delle due specie.
- Il modello Wa-Tor ne tiene conto, ed è più facile inserire variazioni improvvise (es. un'epidemia...)

Modello epidemiologico Reed-Frost



Modello SIR

(**S**uscettibili (o recettivi) / **I**nfetti / **R**esistenti (o immuni))

$$S(t) + I(t) + R(t) = \text{tot popolazione (costante)}$$

<http://www.quadernodiepidemiologia.it/epi/modelli/reed.htm>

<https://www.osc.edu/education/si/projects/epidemic>

Modello epidemiologico Reed-Frost



p probabilità (empirica...) per un dato individuo di avere un contatto efficiente, cioè che si infetti se era suscettibile; $q = 1 - p$

Formulazione stocastica:

$$I_{t+1} = \sum_{k=0}^{S_t} \mathcal{B}(1 - q^{I_t})$$

$\mathcal{B}(x)$ variabile casuale che vale 1 con probabilità x , altrimenti 0

probabilità che almeno uno degli infetti al tempo t abbia un contatto efficiente

$$S_{t+1} = S_t - I_{t+1}$$

Con le condizioni iniziali di: popolazione totale, S_0 , I_0

Modello epidemiologico Reed-Frost



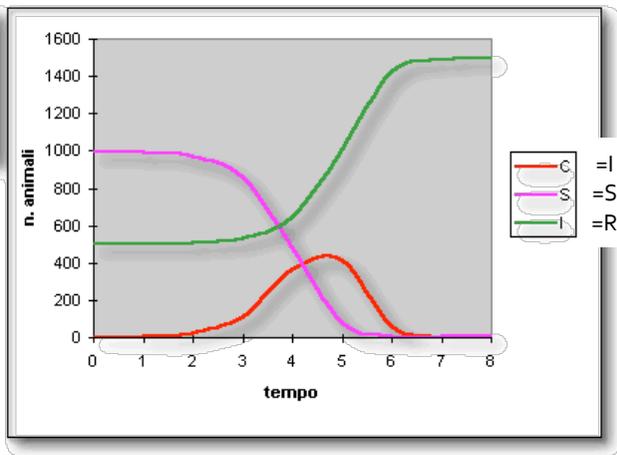
Il modello stocastico si può anche risolvere in modo deterministico sostituendo alle variabili casuali il loro valore medio:

$$\left\{ \begin{array}{l} I_{t+1} = \sum_{k=0}^{S_t} \mathcal{B}(1 - q^{I_t}) \\ S_{t+1} = S_t - I_{t+1} \end{array} \right. \Rightarrow \left\{ \begin{array}{l} I_{t+1} = S_t (1 - q^{I_t}) \\ S_{t+1} = S_t q^{I_t} \end{array} \right.$$

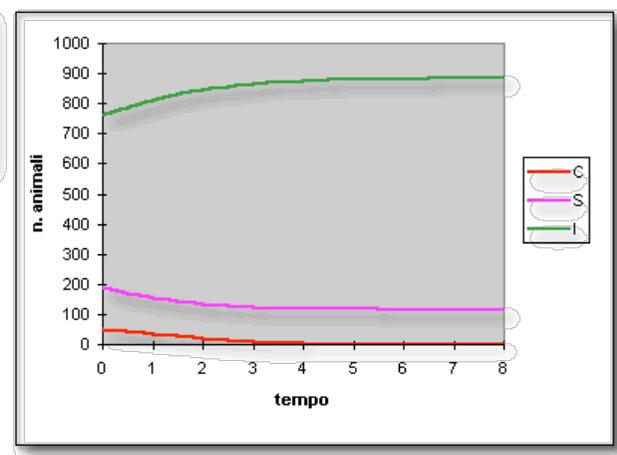
Riscrivendo: $S_{t+1} = S_t e^{-R_0}$ e confrontando con (*) per $I_t=1$ si ottiene:

$$R_0 = -\ln q$$

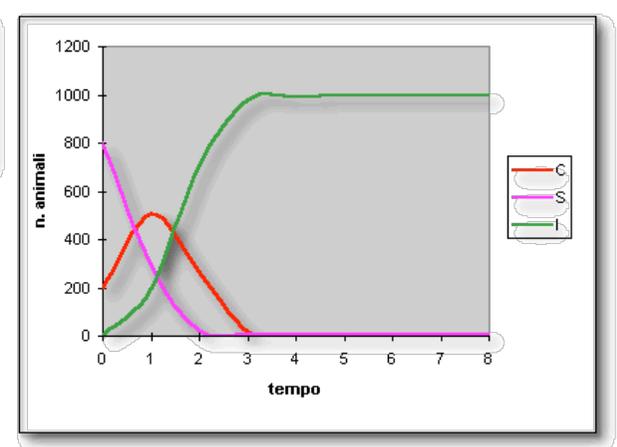
Casi	1		
N. di animali inizialmente recettivi	999		
N. di animali inizialmente immuni	500		
Dimensione della popolazione	1500		
Probabilità contatto efficiente	0.005		
Probabilità contatto NON efficiente	0.995		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	C	S	I
0	1	999	500
1	5	994	501
2	25	969	506
3	112	857	531
4	369	488	643
5	411	77	1012
6	67	10	1423
7	3	7	1490
8	0	7	1493



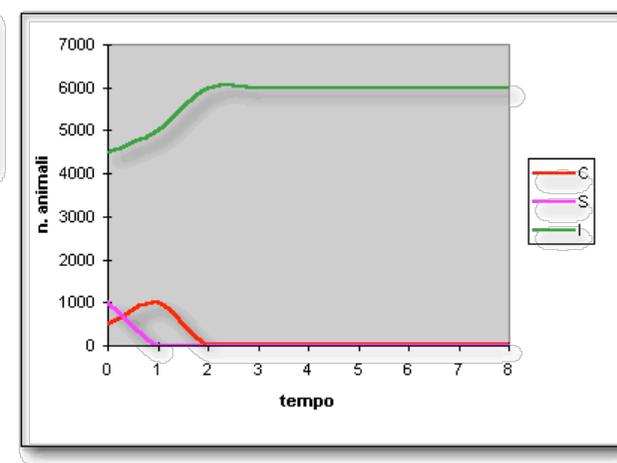
Casi	50		
N. di animali inizialmente recettivi	190		
N. di animali inizialmente immuni	760		
Dimensione della popolazione	1000		
Probabilità contatto efficiente	0.004		
Probabilità contatto NON efficiente	0.996		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	C	S	I
0	50	190	760
1	35	155	810
2	20	135	845
3	10	125	865
4	5	120	875
5	2	117	880
6	1	116	883
7	1	116	884
8	0	115	884



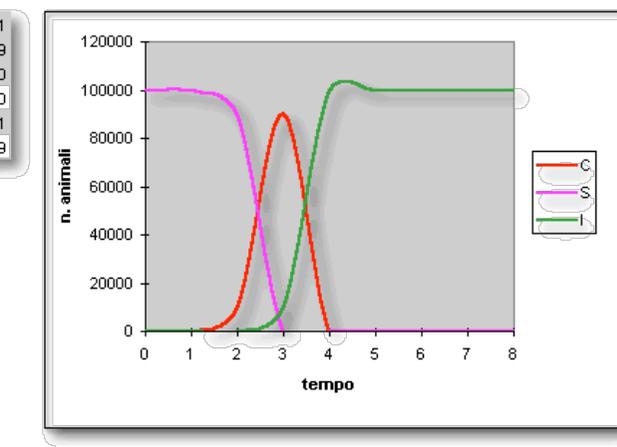
Casi	200		
N. di animali inizialmente recettivi	800		
N. di animali inizialmente immuni	0		
Dimensione della popolazione	1000		
Probabilità contatto efficiente	0.005		
Probabilità contatto NON efficiente	0.995		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	C	S	I
0	200	800	0
1	506	294	200
2	270	23	706
3	17	6	977
4	0	5	994
5	0	5	995
6	0	5	995
7	0	5	995
8	0	5	995



Casi	500		
N. di animali inizialmente recettivi	1000		
N. di animali inizialmente immuni	4500		
Dimensione della popolazione	6000		
Probabilità contatto efficiente	0.06		
Probabilità contatto NON efficiente	0.94		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	C	S	I
0	500	1000	4500
1	1000	0	5000
2	0	0	6000
3	0	0	6000
4	0	0	6000
5	0	0	6000
6	0	0	6000
7	0	0	6000
8	0	0	6000



Casi	1		
N. di animali inizialmente recettivi	99999		
N. di animali inizialmente immuni	0		
Dimensione della popolazione	100000		
Probabilità contatto efficiente	0.001		
Probabilità contatto NON efficiente	0.999		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	C	S	I
0	1	99999	0
1	100	99899	1
2	9511	90388	101
3	90381	7	9612
4	7	0	99993
5	0	0	100000
6	0	0	100000
7	0	0	100000
8	0	0	100000



grande variabilità dei risultati in un modello epidemico attribuibile al solo caso!

Modello epidemiologico Reed-Frost



Limiti del modello:

- ipotesi ben poco realistica: che ogni individuo infetto incontri ogni altro individuo suscettibile nel periodo di tempo in cui è infetto.
- unica modalità di trasmissione
- Periodo di incubazione+infezione fisso => determina Δt
- La popolazione è chiusa (nè ingressi nè uscite)
- Condizioni costanti durante tutta l'evoluzione epidemica

Modello epidemiologico Reed-Frost



Osservazioni varie:

- approccio stocastico importante e adeguato soprattutto nelle fasi iniziale/finale, dove i casi sono pochi e la casualità gioca un ruolo fondamentale
- Si può complicare a volontà, più facilmente di un modello deterministico

Altro approccio possibile (sempre stocastico): modello su reticolo (si tiene conto di diversi modi di diffusione, e della mobilità degli individui)

Un interessante spunto per approfondimento:

<https://www.youtube.com/watch?v=gxAaO2rsdls> *Simulating an epidemic*

Buon divertimento!