



**UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI TRIESTE**

Modelli epidemiologici ed evolutivi e simulazioni numeriche: un contributo dalla fisica

SSM26-16 - Fisica Applicata - Maria Peressi (peressi@units.it)

Fenomeni evolutivi

- modelli **stocastici** (prede-predatori, oltre che modelli epidemiologici)
- modelli **deterministici** (eq. di Lotka-Volterra, modelli Wa-Tor, Reed-Frost...)

Disclaimer



L'autrice di questa presentazione NON si occupa assolutamente di epidemiologia; questo contributo nasce da una recente **curiosità personale** per i modelli epidemiologici, suscitata dalla pandemia COVID-19 e dalle molte informazioni in circolazione su **modelli descrittivi (e in qualche caso predittivi)**, nonchè dagli interventi di molti colleghi fisici ben più autorevoli ed esperti nel settore.

L'autrice ha semplicemente **una certa esperienza nel campo della modellizzazione di fenomeni e processi maturata nelle ricerche in Fisica**, e in particolare nella **soluzione numerica** di modelli (cioè con tecniche computazionali) necessari quando la soluzione analitica non è praticabile.

NON si intende interferire con altre informazioni o trattazioni più autorevoli.

Questo materiale NON deve essere usato per estrarre comportamenti o previsioni realistiche, data l'estrema semplificazione del modello discusso.

Abstract

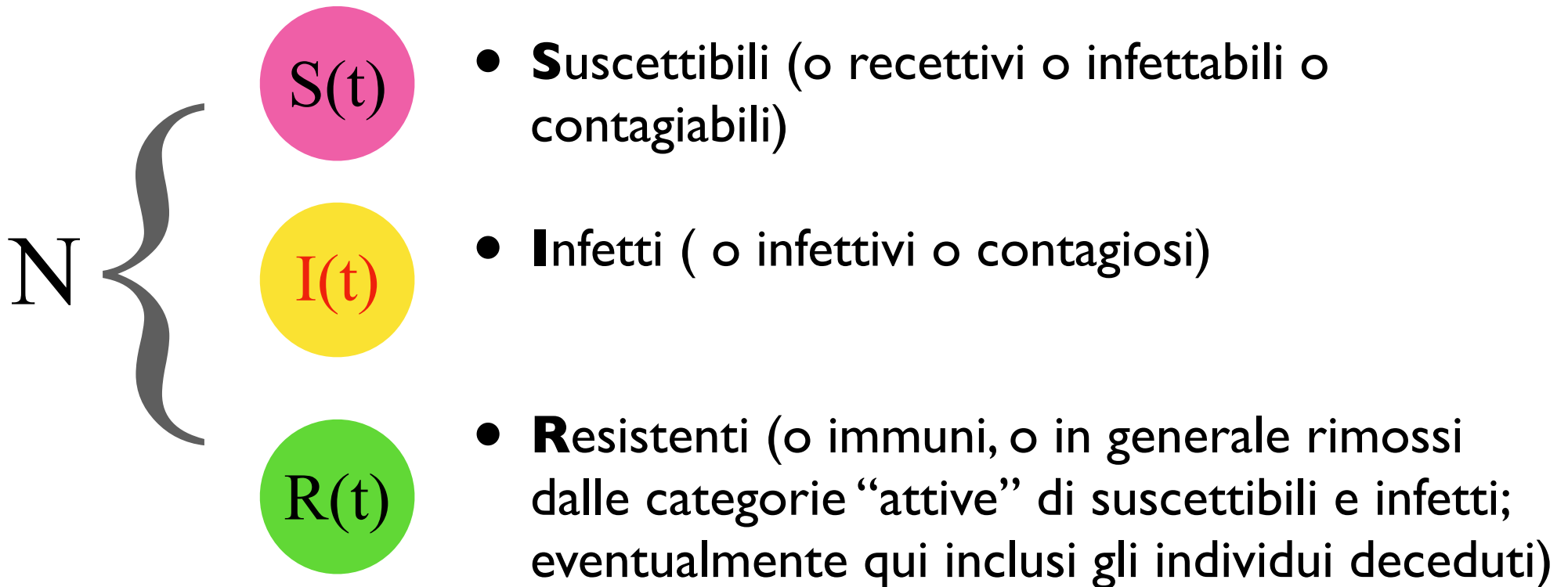
Processi di diffusione di vario tipo, inclusi quelli in campo epidemiologico, possono essere efficacemente descritti da modelli fisico-matematici di carattere **deterministico** o **stocastico**, risolvibili in modo **analitico** o **numerico** a seconda della loro complessità.

Grazie ai modelli si può facilmente verificare l'**estrema sensibilità delle soluzioni rispetto ai diversi fattori/parametri considerati e alle condizioni iniziali**, anche nei modelli più semplici.

Si intende proporre un'analisi alla portata di tutti, che, pur restando nell'ambito di competenze sviluppate nelle simulazioni numeriche in fisica, aiuta a sensibilizzarci alla variabilità del processo epidemiologico, rendendoci anche prudenti rispetto a false semplificazioni circa la predicibilità dell'evoluzione epidemiologica, e a responsabilizzarci rispetto ai comportamenti da seguire.

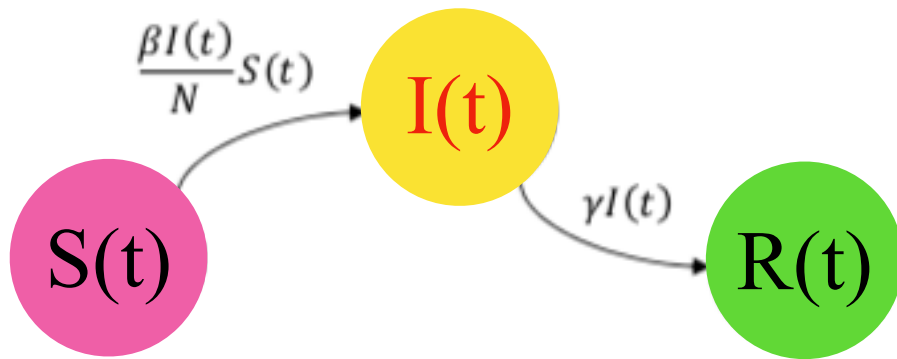
Un modello epidemiologico: SIR

Il più semplice modello **compartimentale**: la **popolazione è divisa in categorie**, ogni individuo appartiene all'una o all'altra



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

Modello SIR deterministico



- β : numero medio di contatti “efficaci” di un individuo per unità di tempo
- $\beta I(t)/N$: numero di nuovi infettivi nell’unità di tempo
- $\gamma I(t)$: numero medio di nuovi rimossi nell’unità di tempo

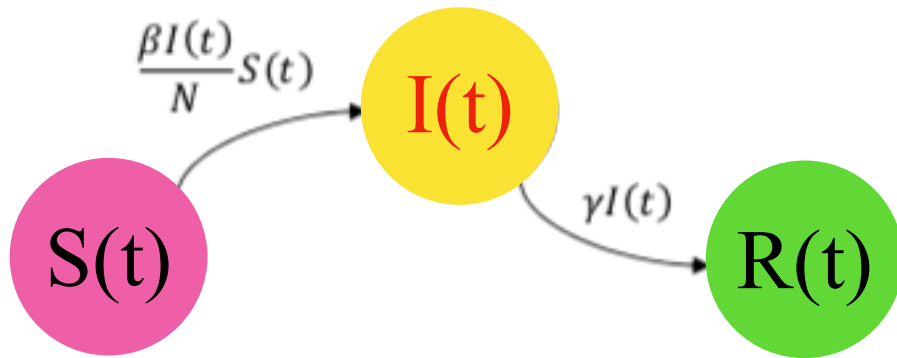
Uso del computer
per risolvere
numericamente
queste equazioni!

Sistema di equazioni
differenziali ordinarie (ODE)

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = +\frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = +\gamma I(t) \end{cases}$$

- Le soluzioni $I(t)$, $S(t)$ e $R(t)$ sono dipendenti dai parametri β e γ e da quelli iniziali $I(0)$, $S(0)$, oltre che dalla popolazione N
- **risolvibili numericamente (discretizzando il tempo) per trovare $I(t)$, $S(t)$ e di conseguenza $R(t)$**

Modello SIR deterministico



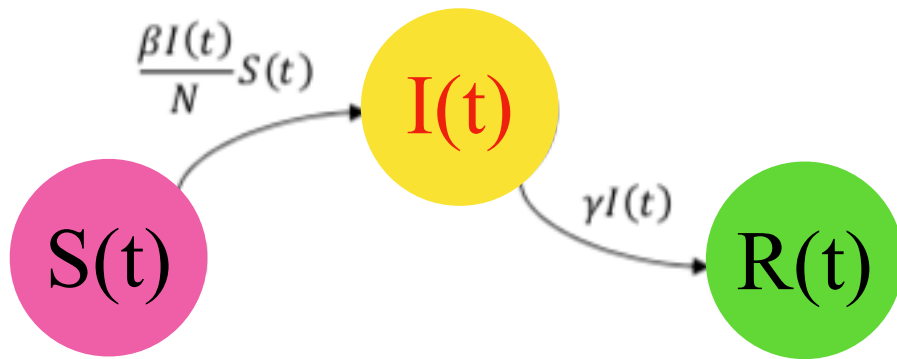
Parametri derivati:

- $R_0 = \beta/\gamma$ “*basic reproduction number*”: numero medio di infetti prodotto da ogni infetto all’inizio dell’epidemia, quando tutta la popolazione è suscettibile
- R_t “*replacement number*”: numero medio di infetti prodotto da ogni infetto in un momento qualunque t dell’epidemia

Sistema di equazioni differenziali ordinarie (ODE)

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = +\frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = +\gamma I(t) \end{cases}$$

Modello SIR deterministico



Parametri derivati:

- $R_0 = \beta/\gamma$ “*basic reproduction number*”: numero medio di infetti prodotto da ogni infetto all’inizio dell’epidemia, quando tutta la popolazione è suscettibile

Sistema di equazioni differenziali ordinarie (ODE)

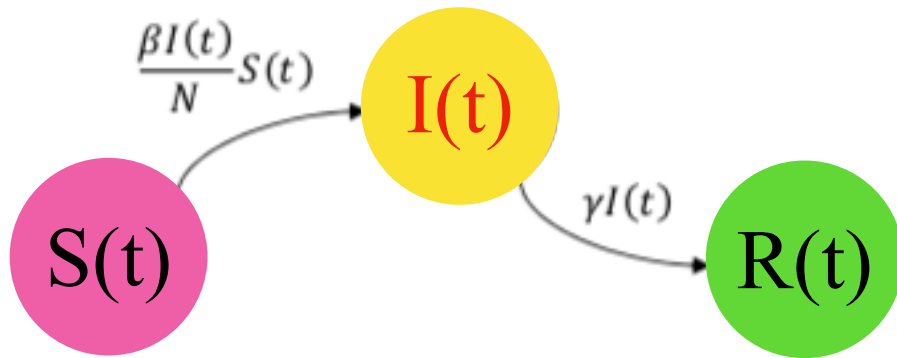
$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = +\frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = +\gamma I(t) \end{cases}$$

Significato di R_0

$$\left(\frac{dI(t)}{dt} \right)_{t=0} = + \frac{\beta I(0)}{N} S(0) - \gamma I(0) = \left(\frac{\beta}{\gamma} - 1 \right) \gamma I(0) = (R_0 - 1) \gamma I(0)$$

Se la popolazione è inizialmente completamente suscettibile, $R_0=1$ è il valore di soglia oltre al quale la malattia comincia a diffondersi

Modello SIR deterministico



Parametri derivati:

- $R_0 = \beta/\gamma$ “*basic reproduction number*”: numero medio di infetti prodotto da ogni infetto all’inizio dell’epidemia, quando tutta la popolazione è suscettibile

Sistema di equazioni differenziali ordinarie (ODE)

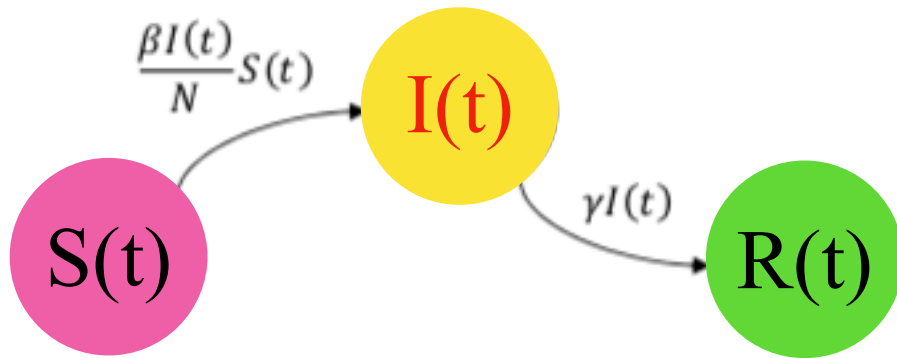
$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = +\frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = +\gamma I(t) \end{cases}$$

Significato di R_0

$$\left(\frac{dI(t)}{dt} \right)_{t=0} = + \frac{\beta I(0)}{N} S(0) - \gamma I(0) = \left(\frac{\beta}{\gamma} - 1 \right) \gamma I(0) = (R_0 - 1) \gamma I(0)$$

Già da qui si capisce come per ridurre R_0 sia necessario ridurre β adottando misure di isolamento, distanziamento sociale o quarantena.

Modello SIR deterministico



Un esempio di applicazione alla popolazione italiana (senza alcuna variazione di R_t):

- forte dipendenza dai parametri, e in particolare da R_0
- ma anche dalla stima del numero iniziale $I(0)$

Figure da: F. Zangara, UniTS, progetto d'esame del Lab. di Fisica computazionale, a.a. 2019/20

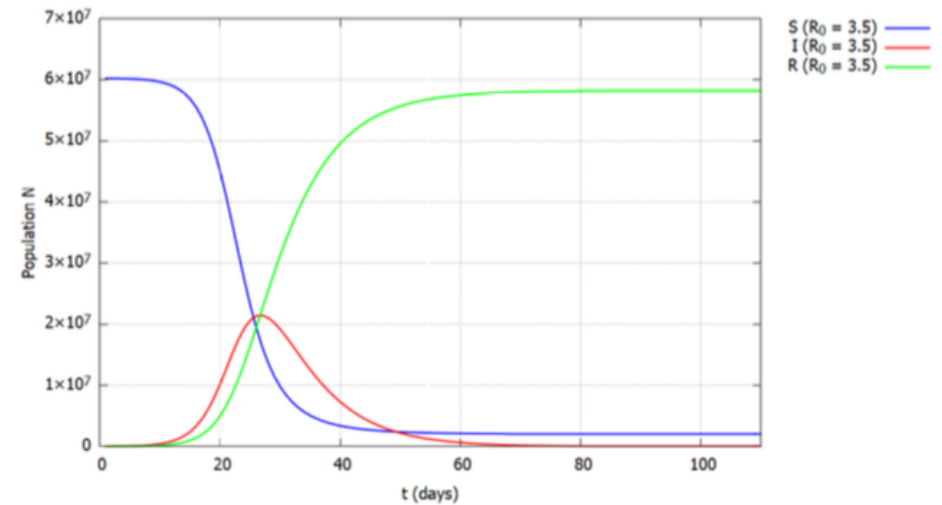


Figure (20) Simulazione della dinamica epidemica per $R_0 = 3.5$: l'epidemia si estingue in ≈ 110 giorni con un picco di 21,445,637 al 27esimo giorno

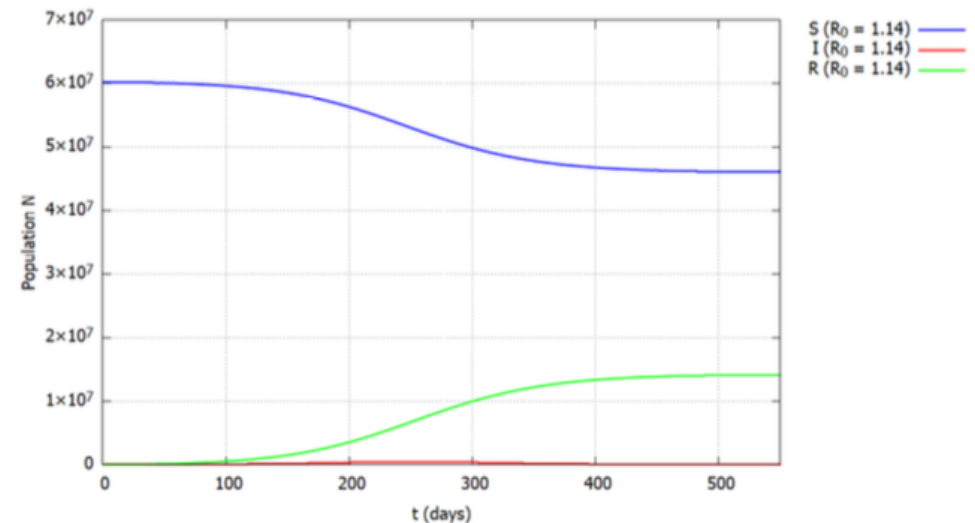
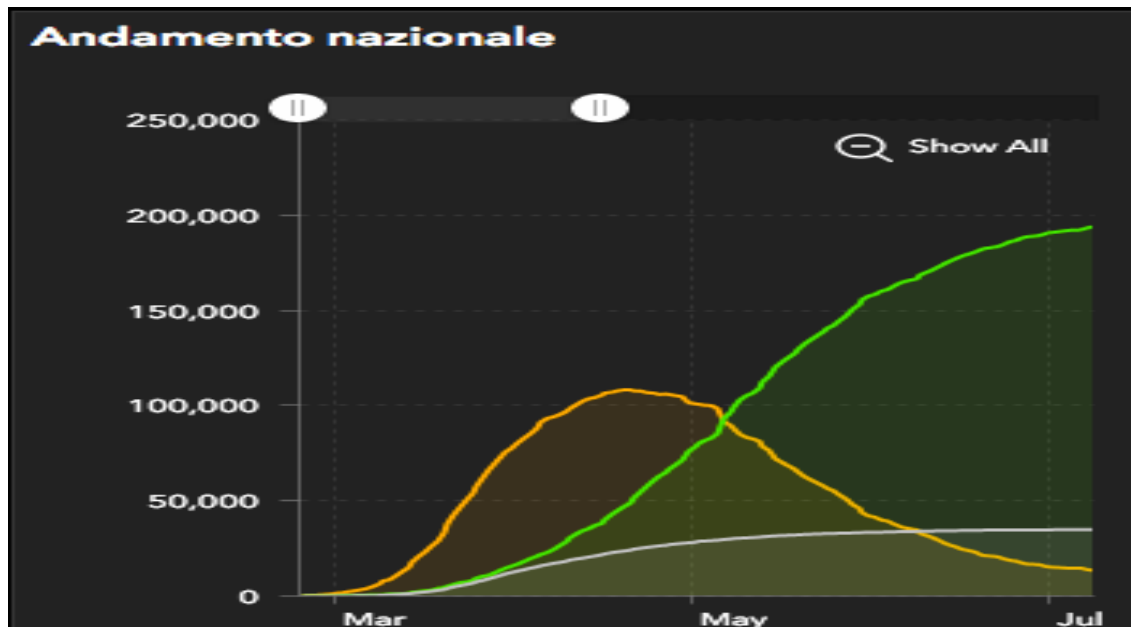
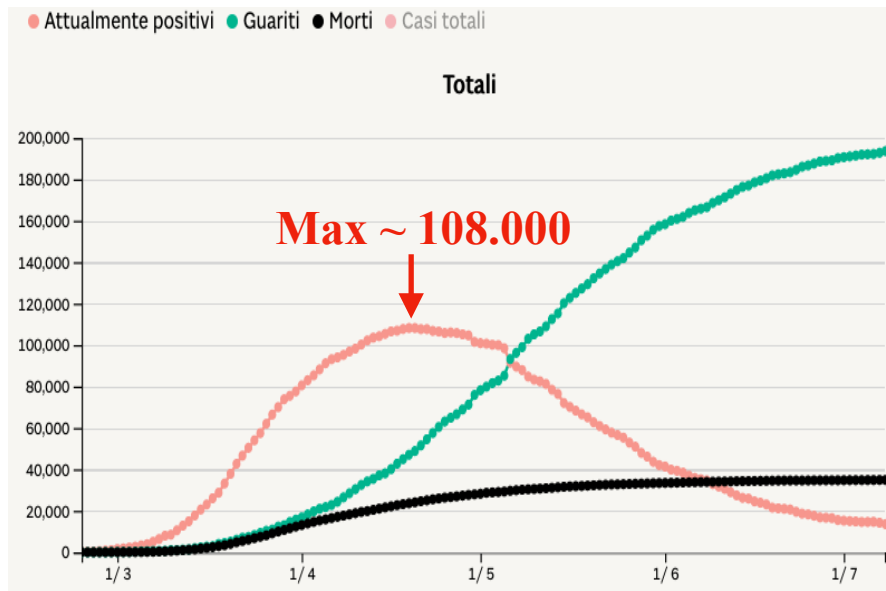


Figure (21) Simulazione della dinamica epidemica per $R_0 = 1.14$: l'epidemia estingue in ≈ 2.5 anni con un picco di 484,864 al 243esimo giorno

Dati COVID-19

Primi mesi - Italia

<https://lab24.ilsole24ore.com/coronavirus/#>

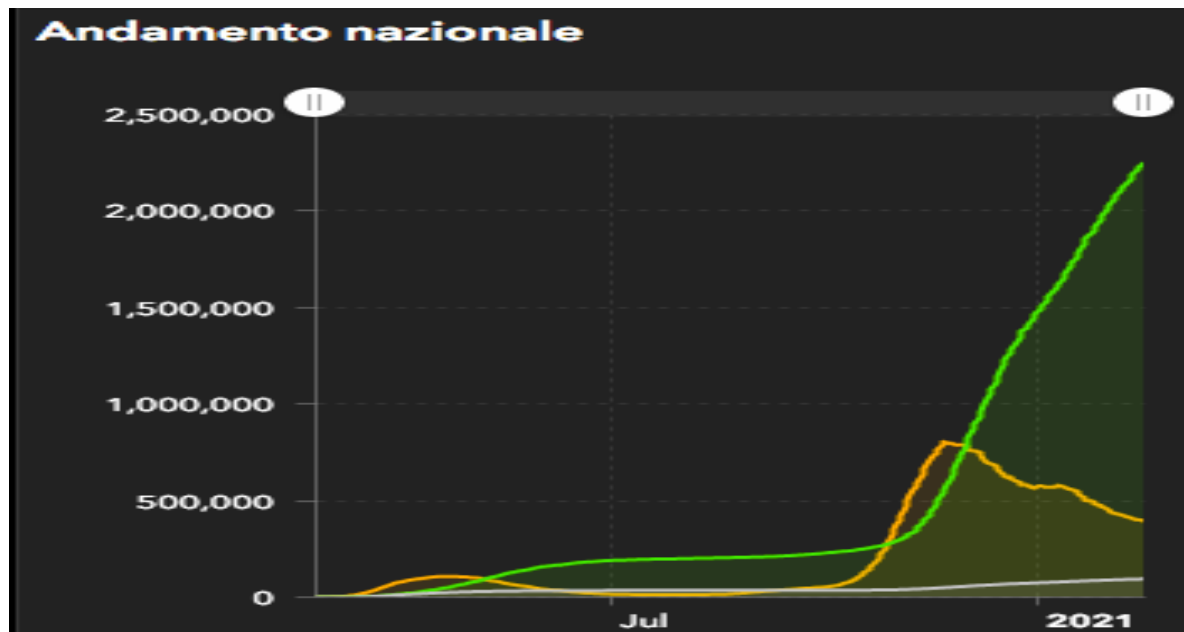
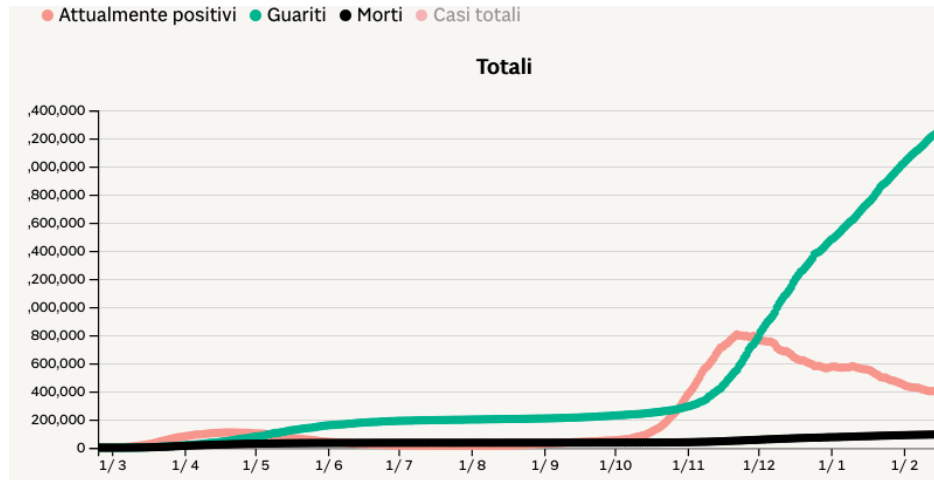


Protezione Civile:

<https://opendatadpc.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/b0c68bce2cce478eaac82fe38d4138b1>

Dati COVID-19 Ad oggi - Italia

<https://lab24.ilsole24ore.com/coronavirus/#>



Protezione Civile:

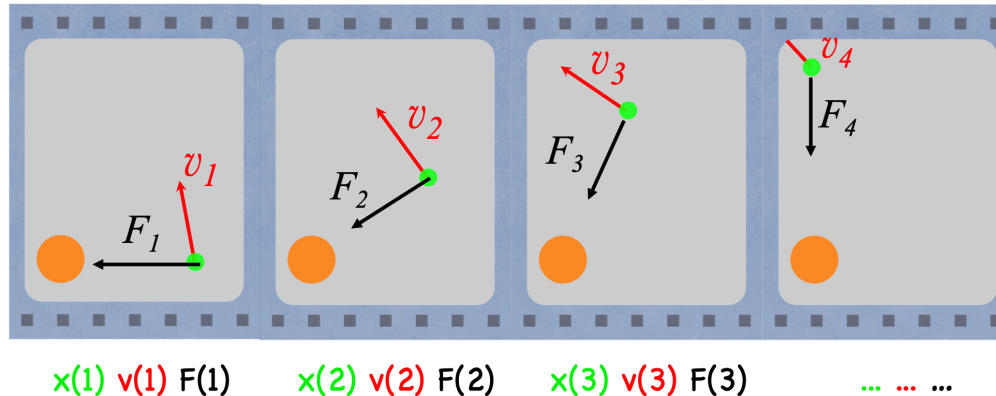
<https://opendatadpc.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/b0c68bce2cce478eaac82fe38d4138b1>

Soluzione più accurata?

IN GENERALE nella soluzione numerica di modelli deterministici è importante **discretizzare meglio il tempo**, cioè risolvere le equazioni considerando l'evoluzione “pezzetto per pezzetto” in intervallini di tempo piccoli. Più piccoli sono, meglio è, ma più “costosa” è la soluzione (come i *frame* di un filmino). Un esempio:

sistema Sole-Terra:

$$a(t) = \frac{d^2x(t)}{dt^2} = \frac{F(t)}{m}$$
$$x(t + \Delta t) = x(t) + v(t)\Delta t + \frac{1}{2}a(t)\Delta t^2$$



Ma il nostro scopo è didattico, quindi non ci addentriamo oltre.

Modelli più complessi

Dal confronto con i dati =>

modelli più realistici devono essere più complessi!

Ad es.:

- introdurre altre classi di popolazione, ad es. Esposti (infetti ma non contagiosi - per studiare l'effetto delle misure di isolamento/quarantena/tracciamento) => modelli SEIR
- dividere la classe R (“rimossi”) in una nuova R (“recovered”, cioè guariti) + D (deceduti) => modelli SIRD
- Considerare le variazioni dei vari parametri nel tempo...

Ma il nostro scopo è didattico, quindi non ci addentriamo oltre.

Modelli stocastici verso deterministici - I

Alcune osservazioni:

- modelli deterministici: “facilmente” risolubili
- ma tipicamente con parametri costanti nel tempo (β etc.)
- in ogni epidemia c'è una **variabilità intrinseca, una caratteristica probabilistica** che non emerge in un modello deterministico =>
 - I modelli stocastici permettono di considerare esplicitamente tale variabilità, traducendola in probabilità.
 - Torniamo dunque ad un modello semplice di tipo SIR che si presta ad una trattazione stocastica.

Modello epidemiologico Reed-Frost

- sviluppato da due medici della John's Hopkins University, Lowell Reed and Wade Hampton Frost, attorno al 1920; ripreso e pubblicato da H. Abbey nel 1952.
- molto semplice, oggi ad uso didattico per:
 - capire come si imposta / come funziona un modello stocastico
 - sensibilizzare (ulteriormente rispetto ai modelli deterministici) sulla variabilità di un processo epidemico
- Trattandosi di un modello **stocastico**, la suddivisione della popolazione in classi al tempo $t + \Delta t$, dipende solo dalla suddivisione al tempo t e dai contagi avvenuti nell'intervallo Δt .

Spunti tratti e adattati da varie fonti, in particolare:

<http://www.quadernodiepidemiologia.it/epi/modelli/reed.htm> (prof. Ezio Bottarelli, Univ. Parma, Epidemiologia veterinaria)

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

Modello epidemiologico Reed-Frost



Ipotesi:

- la malattia si trasmette direttamente dagli individui infetti ai suscettibili e per un certo tipo di contatto “efficace” e non con altre modalità ;
- tutti gli individui hanno la stessa **probabilità p** di avere un contatto “efficace” con infetti in un certo intervallo temporale Δt (preso come unità di tempo), dopodichè se sono infettati rimangono infetti per un intervallo temporale della stessa durata e poi diventano resistenti;
- il periodo Δt di incubazione (o malattia o contagiosità) è fisso;
- la popolazione è chiusa (non c'è variazione demografica per altre cause);
- le condizioni rimangono costanti per tutta la durata dell'osservazione.

Modello epidemiologico Reed-Frost



Formulazione stocastica, discretizzata (unità di tempo: Δt)

p probabilità per un dato individuo di avere un contatto “efficace”, cioè che si infetti se era suscettibile, in un certo Δt ; prob. di non contagio: $q = 1 - p$

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

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

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

Uso del computer per generare numeri casuali !

Con le **condizioni iniziali** di: popolazione totale N (costante), S_0 , I_0

Modello epidemiologico Reed-Frost



Nella formulazione stocastica, poichè la variabile $\mathcal{B}$ può assumere diversi valori anche a parità di parametri iniziali, le curve epidemiologiche possono risultare diverse in diverse simulazioni: vedi

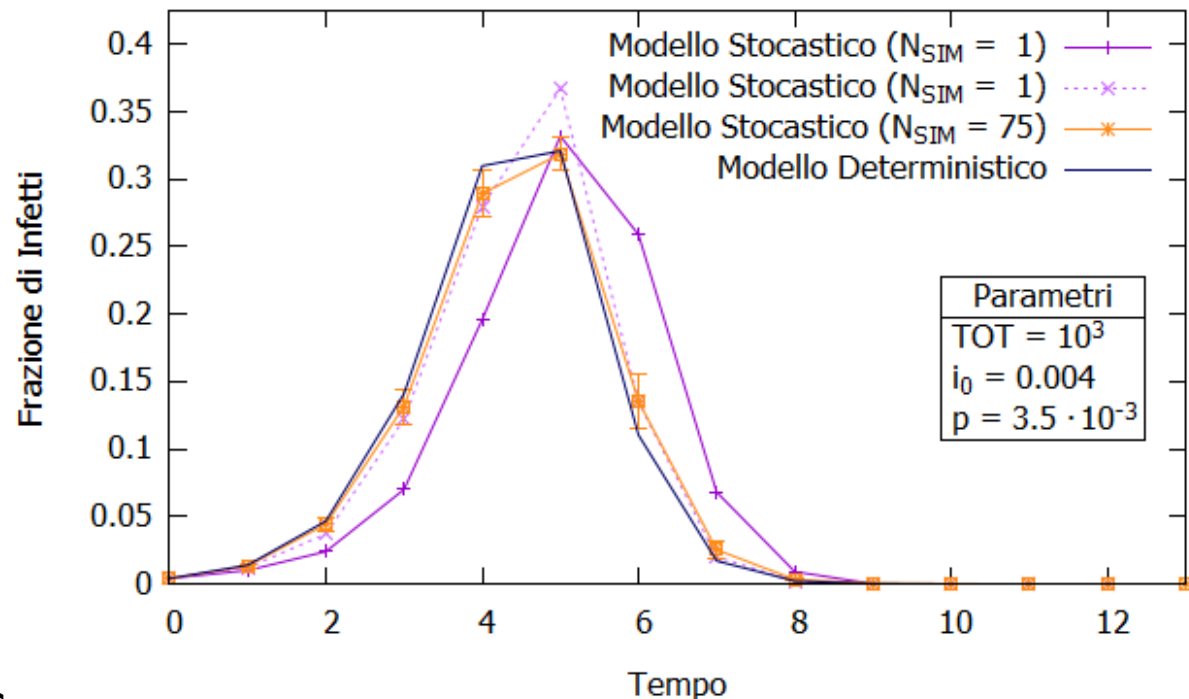


Figura da: M. Dirindin, UniTS,
tesi di Laurea in Fisica, a.a. 2019/20

Modello epidemiologico Reed-Frost



Il modello Reed-Frost si può anche risolvere in modo **deterministico** (**ma sempre iterativo**) sostituendo alle variabili casuali il loro valore medio:

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

Modello epidemiologico Reed-Frost



Il risultato va mediato su diverse simulazioni: in tal caso le curve ottenute col modello stocastico coincidono con quelle deterministiche, vedi:

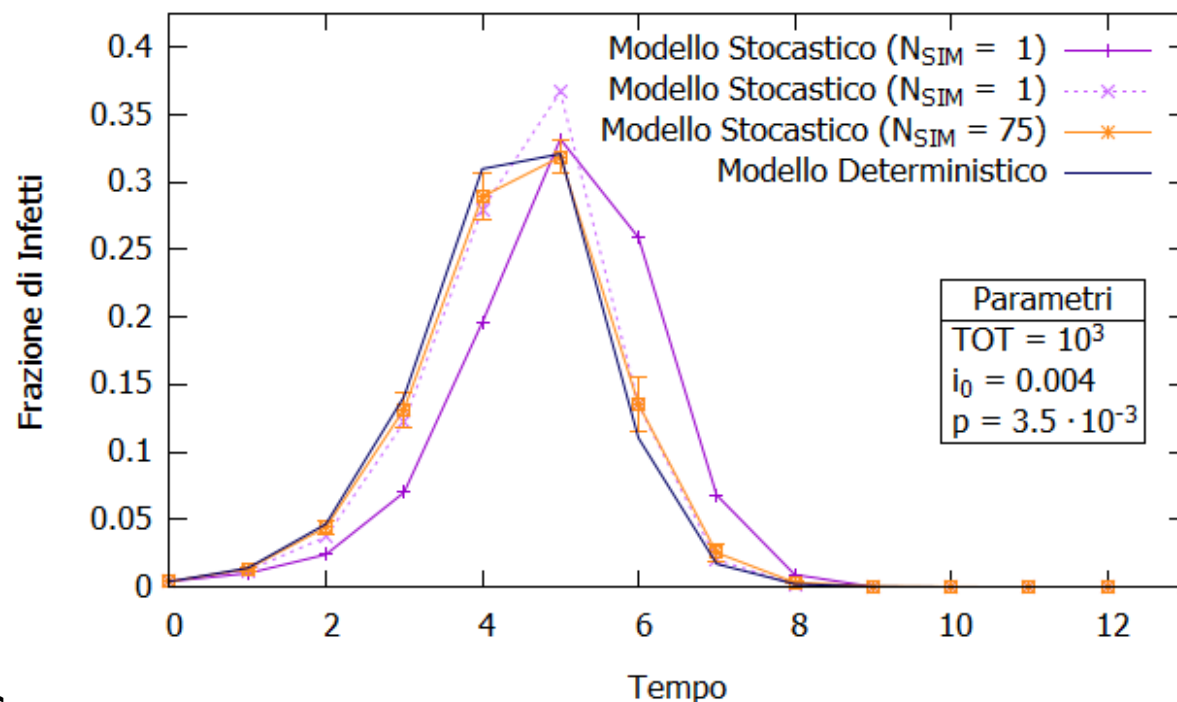


Figura da: M. Dirindin, UniTS,
tesi di Laurea in Fisica, a.a. 2019/20

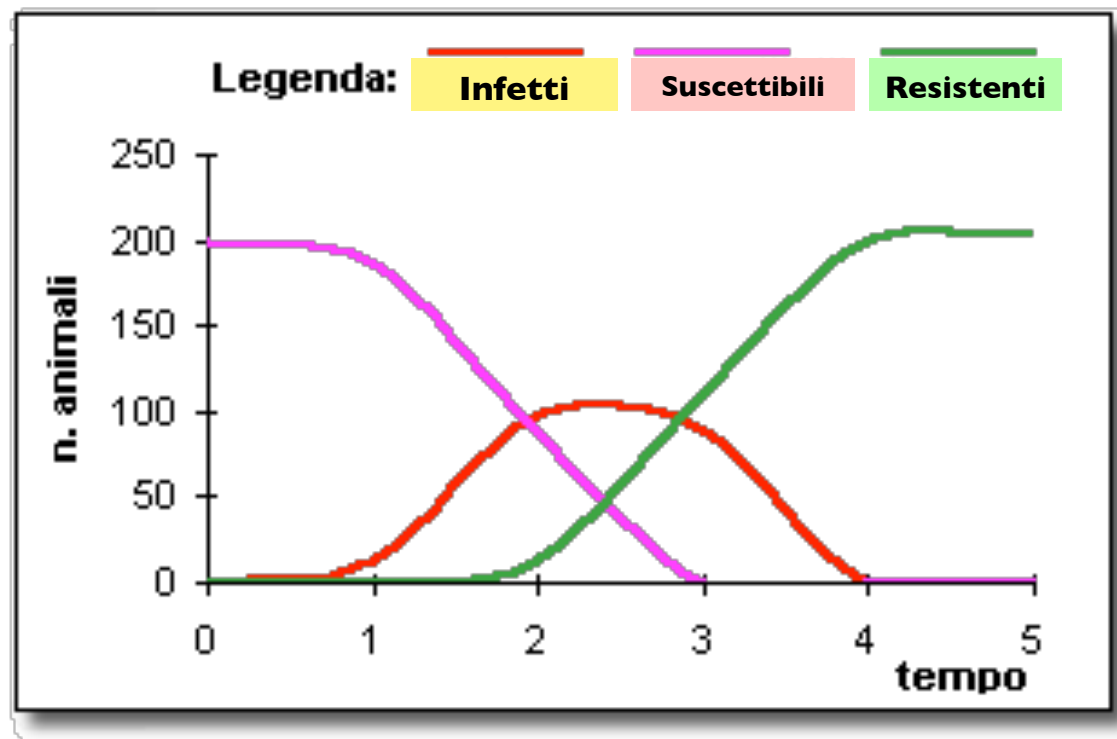
$$\begin{cases} I_{t+1} = S_t (1 - q^{I_t}) \\ S_{t+1} = S_t q^{I_t} \end{cases}$$

Modello di Reed-Frost classico: simulazione di una epidemia

popolazione
probabilità contatto efficiente $p = 0.06$

$N = 200$

Tempo t	Infetti I	Suscettibili S	Resistenti R
0	1	199	0
1	12	187	1
2	98	89	13
3	89	0	111
4	0	0	200
5	0	0	200



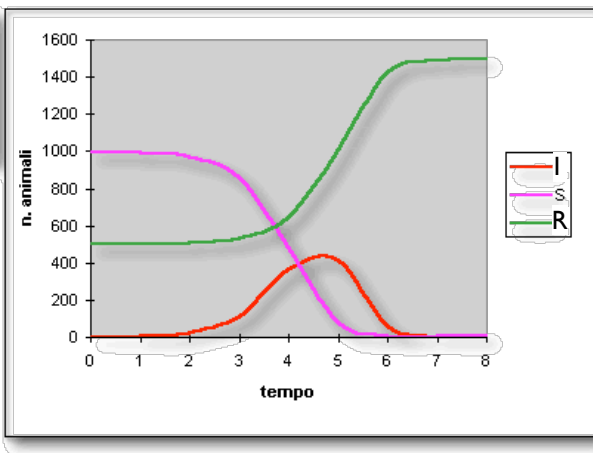
Prof. Ezio Bottarelli - Università di Parma

parametri

<http://www.quadernodiepidemiologia.it/epi/modelli/reed.htm>; (link valido nel 2020)
disponibile anche un foglio di calcolo excel per la soluzione discretizzata di queste equazioni

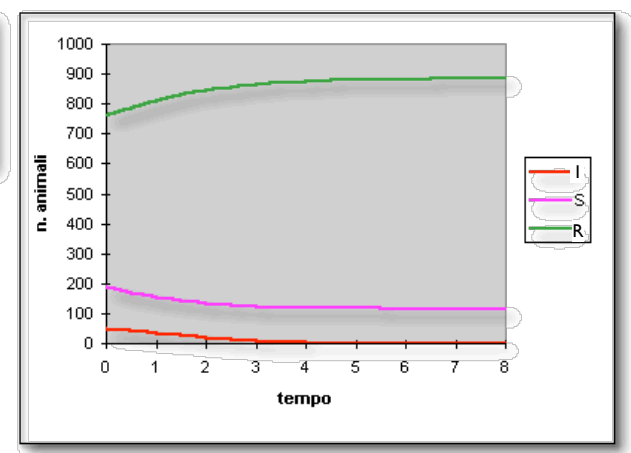
Casi	1
N. di animali inizialmente recettivi	999
N. di animali inizialmente immuni	500
Dimensione della popolazione	1500
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



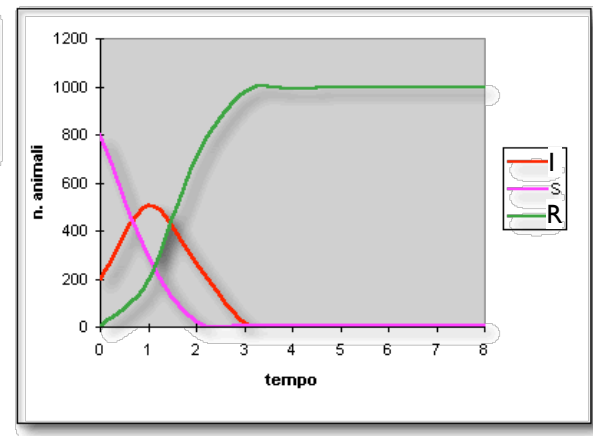
Casi	50
N. di animali inizialmente recettivi	190
N. di animali inizialmente immuni	760
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.004
Probabilità contatto NON efficiente	0.996

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



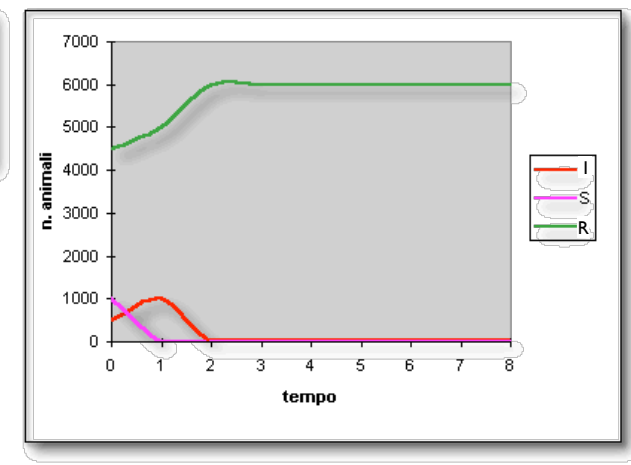
Casi	200
N. di animali inizialmente recettivi	800
N. di animali inizialmente immuni	0
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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

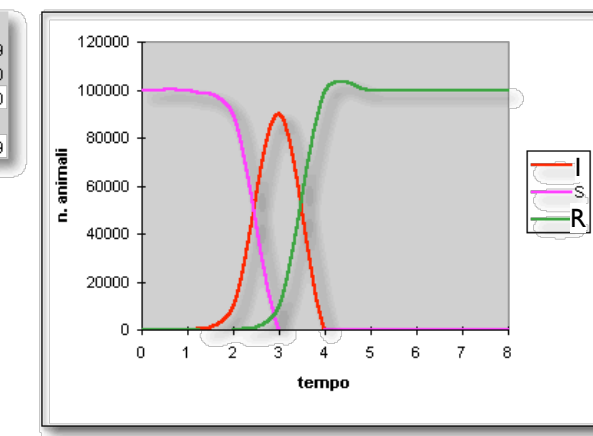


Casi	500
N. di animali inizialmente recettivi	1000
N. di animali inizialmente immuni	4500
Dimensione della popolazione	6000
Probabilità contatto efficiente	0.06
Probabilità contatto NON efficiente	0.94

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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

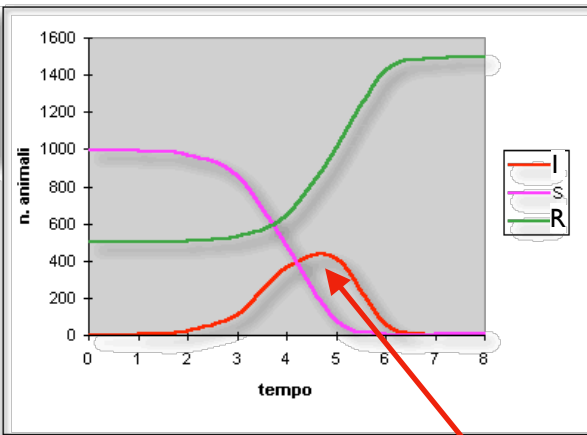


Casi			
N. di animali inizialmente recettivi	99999		
N. di animali inizialmente immuni	0		
Dimensione della popolazione	100000		
Probabilità contatto efficiente	0.001		
Probabilità contatto NON efficiente	0.999		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
0	1	99999	0
1	100	99899	1
2	9511	90388	101
3	90381	7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



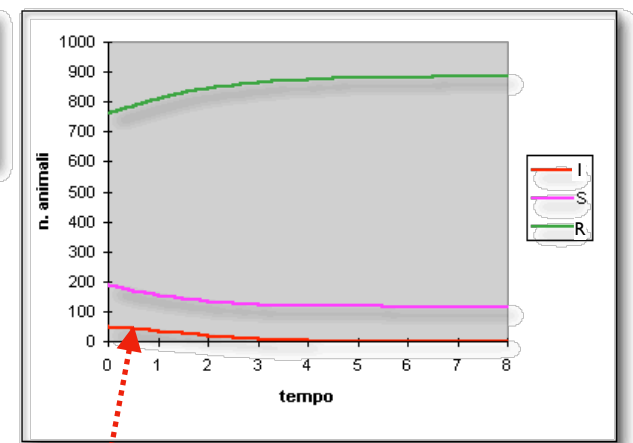
Una prima occhiata sulla variabilità dell'andamento epidemiologico in funzione del parametro di probabilità di contagio p e dei parametri iniziali di suscettibili, infetti e resistenti

Casi				
N. di animali inizialmente recettivi				
N. di animali inizialmente immuni				
Dimensione della popolazione				
Probabilità contatto efficiente				
Probabilità contatto NON efficiente				
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni	
t	I	S	R	
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	

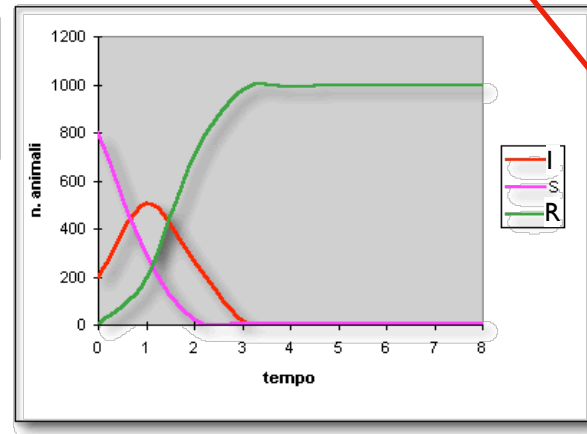


Casi	50
N. di animali inizialmente recettivi	190
N. di animali inizialmente immuni	760
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.004
Probabilità contatto NON efficiente	0.996

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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

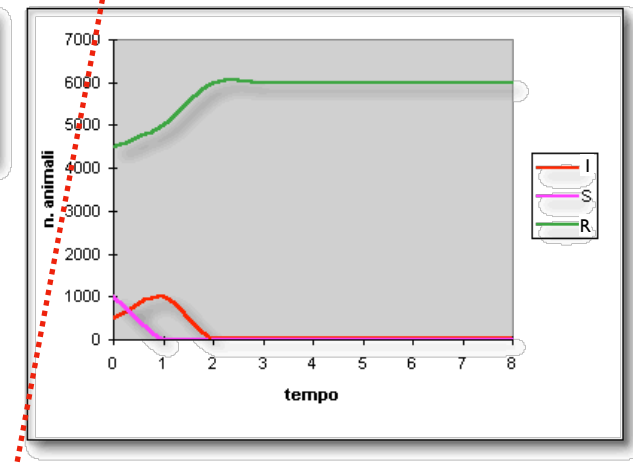


Casi			
N. di animali inizialmente recettivi			
N. di animali inizialmente immuni			
Dimensione della popolazione			
Probabilità contatto efficiente			
Probabilità contatto NON efficiente			
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
0	200	800	0
1	506	294	200
2	270	23	706
3	17	6	977
4	0	5	994
5	0	5	995
6	0	5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

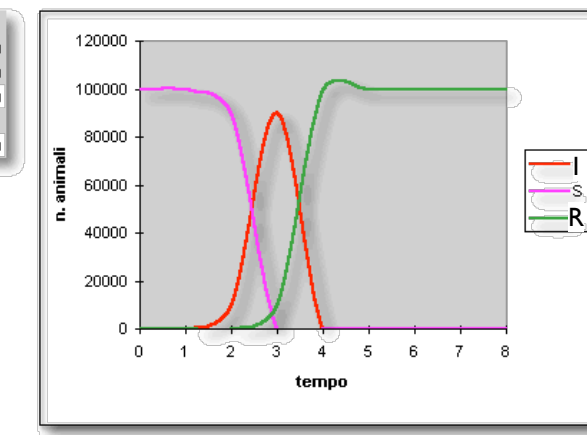


Casi	500
N. di animali inizialmente recettivi	1000
N. di animali inizialmente immuni	4500
Dimensione della popolazione	6000
Probabilità contatto efficiente	0.06
Probabilità contatto NON efficiente	0.94

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



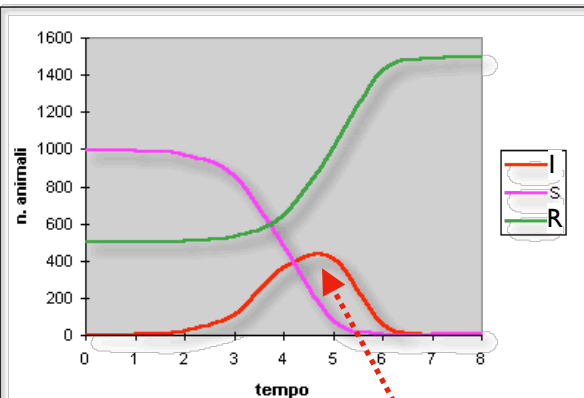
Casi			
N. di animali inizialmente recettivi			
N. di animali inizialmente immuni			
Dimensione della popolazione			
Probabilità contatto efficiente			
Probabilità contatto NON efficiente			
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
0	1	99999	0
1	100	99899	1
2	9511	90388	101
3	90381	7	9612
4	7	0	99993
5	0	0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



Ci può essere o meno un
picco di infetti

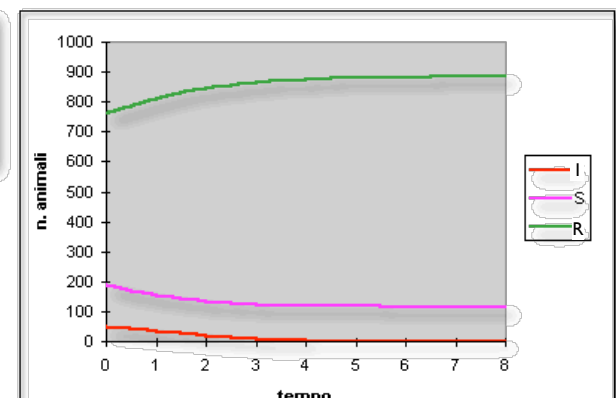
Casi	1
N. di animali inizialmente recettivi	999
N. di animali inizialmente immuni	500
Dimensione della popolazione	1500
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



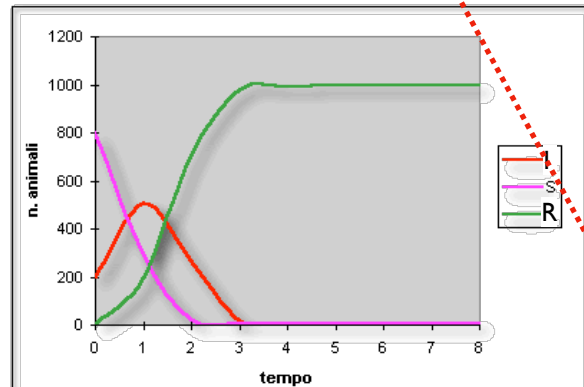
Casi	50
N. di animali inizialmente recettivi	190
N. di animali inizialmente immuni	760
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.004
Probabilità contatto NON efficiente	0.996

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



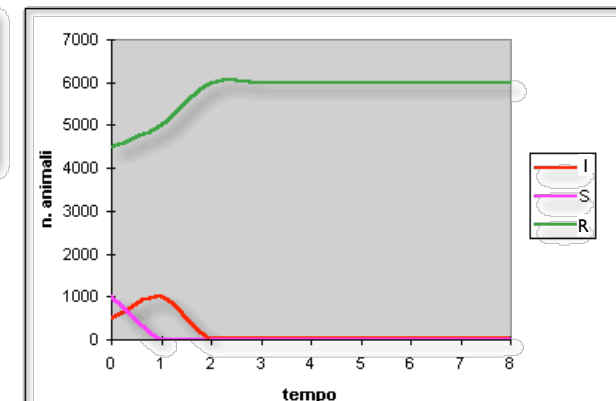
Casi	200
N. di animali inizialmente recettivi	800
N. di animali inizialmente immuni	0
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



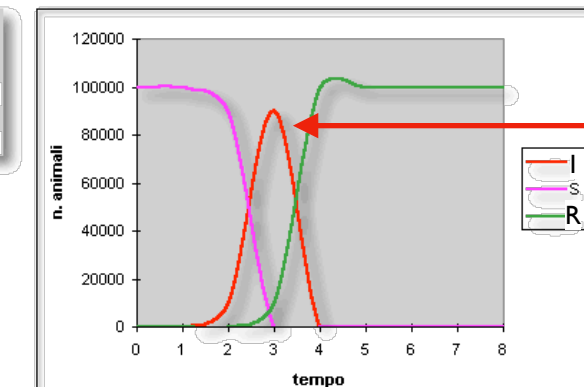
Casi	500
N. di animali inizialmente recettivi	1000
N. di animali inizialmente immuni	4500
Dimensione della popolazione	6000
Probabilità contatto efficiente	0.06
Probabilità contatto NON efficiente	0.94

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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

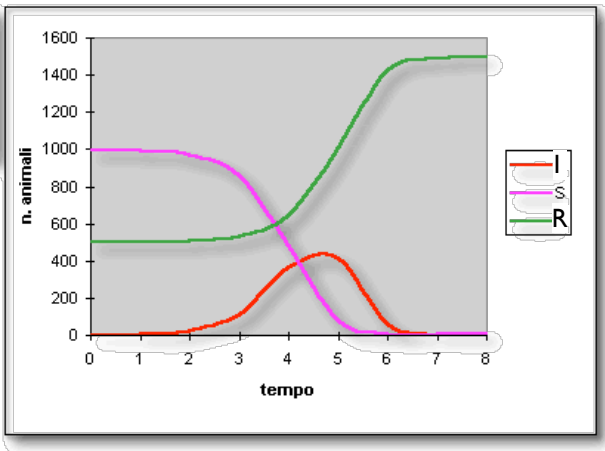
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
0	1	99999	0
1	100	99899	1
2	9511	90388	101
3	90381	7	9612
4	7	0	99993
5	0	0	100000
6	0	0	100000
7	0	0	100000
8	0	0	100000



Se c'è un picco di infetti, questo può essere più o meno alto, più o meno largo, e avvenire in tempi diversi

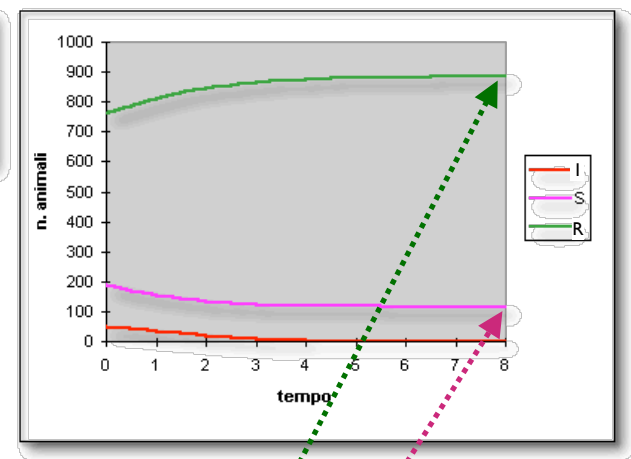
Casi	1
N. di animali inizialmente recettivi	999
N. di animali inizialmente immuni	500
Dimensione della popolazione	1500
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



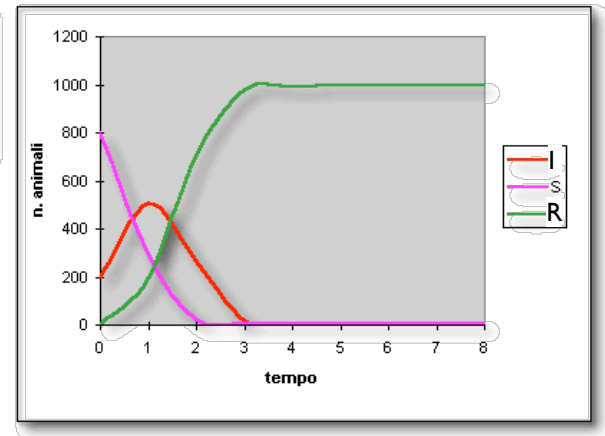
Casi	50
N. di animali inizialmente recettivi	190
N. di animali inizialmente immuni	760
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.004
Probabilità contatto NON efficiente	0.996

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



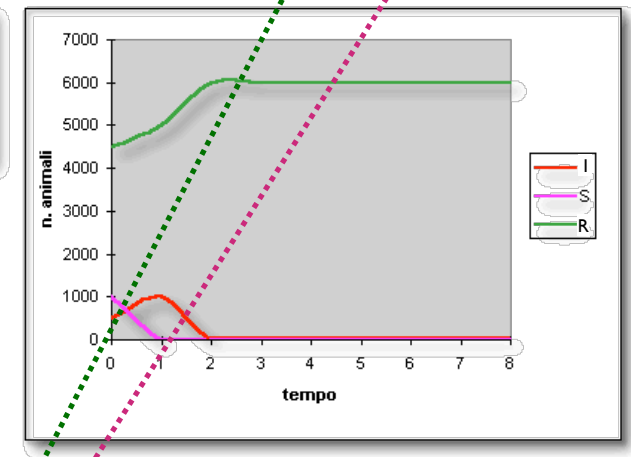
Casi	200
N. di animali inizialmente recettivi	800
N. di animali inizialmente immuni	0
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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

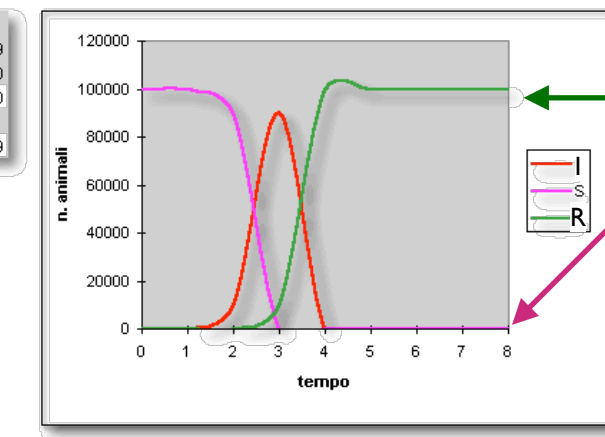


Casi	500
N. di animali inizialmente recettivi	1000
N. di animali inizialmente immuni	4500
Dimensione della popolazione	6000
Probabilità contatto efficiente	0.06
Probabilità contatto NON efficiente	0.94

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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



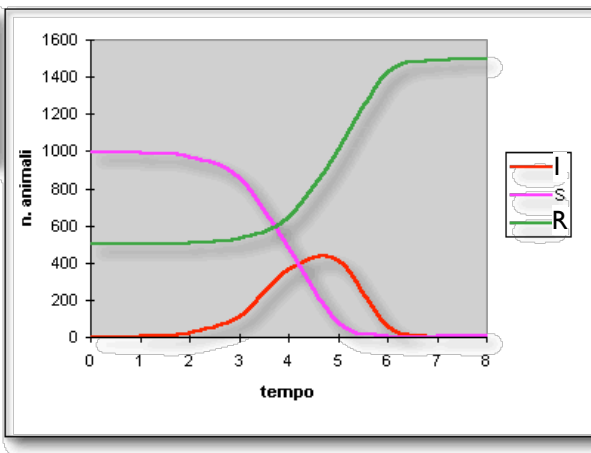
Casi			
N. di animali inizialmente recettivi	9999		
N. di animali inizialmente immuni			
Dimensione della popolazione	10000		
Probabilità contatto efficiente	0.00		
Probabilità contatto NON efficiente	0.99		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
0	1	99999	0
1	100	99899	1
2	9511	90388	101
3	90381	7	9612
4	7	0	99993
5	0	0	100000
6	0	0	100000
7	0	0	100000
8	0	0	100000



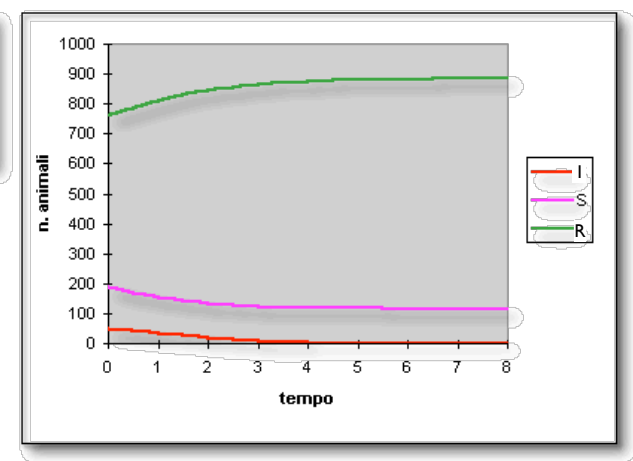
Alla fine dell'epidemia ($I=0$) la popolazione può essere stata tutta o in parte contagiata, con un residuo nullo o parziale di individui suscettibili

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	I	S	R
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

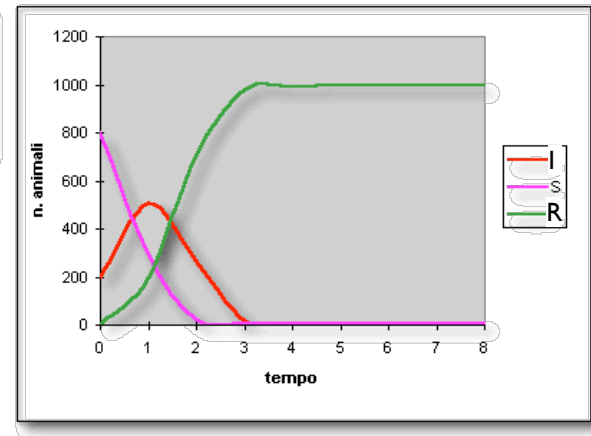


Casi	50		
N. di animali inizialmente recettivi	190		
N. di animali inizialmente immuni	760		
Dimensione della popolazione	1000		
Probabilità contatto efficiente	0.004		
Probabilità contatto NON efficiente	0.996		
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
0	50	190	760
1	35	155	810
2	20	135	845
3	10	125	865
4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



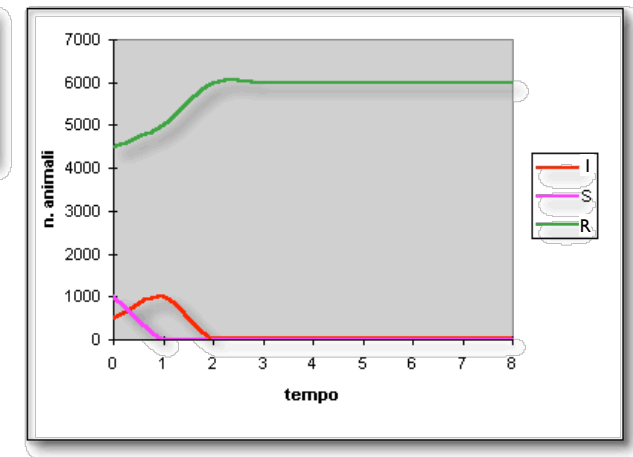
Casi	200
N. di animali inizialmente recettivi	800
N. di animali inizialmente immuni	0
Dimensione della popolazione	1000
Probabilità contatto efficiente	0.005
Probabilità contatto NON efficiente	0.995

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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

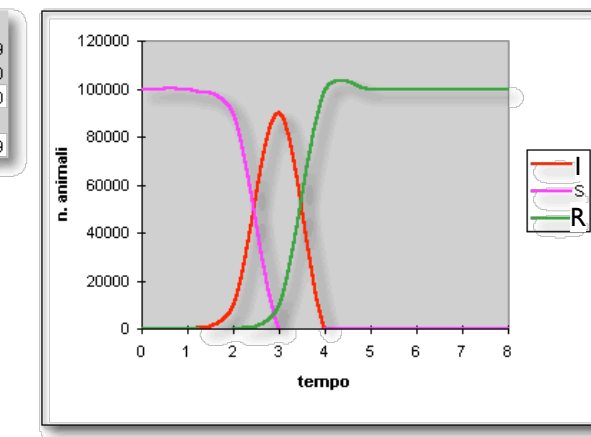


Casi	500
N. di animali inizialmente recettivi	1000
N. di animali inizialmente immuni	4500
Dimensione della popolazione	6000
Probabilità contatto efficiente	0.06
Probabilità contatto NON efficiente	0.94

Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	I	S	R
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			
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	I	S	R
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



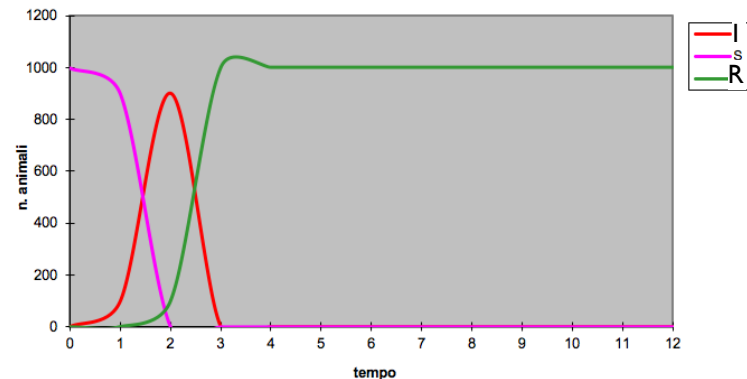
Una prima occhiata sulla variabilità dell'andamento epidemiologico in funzione del parametro di probabilità di contagio p e dei parametri iniziali di suscettibili, infetti e resistenti => **grande variabilità dei risultati!**

Modello epidemiologico Reed-Frost

Ruolo del parametro probabilità di contagio :

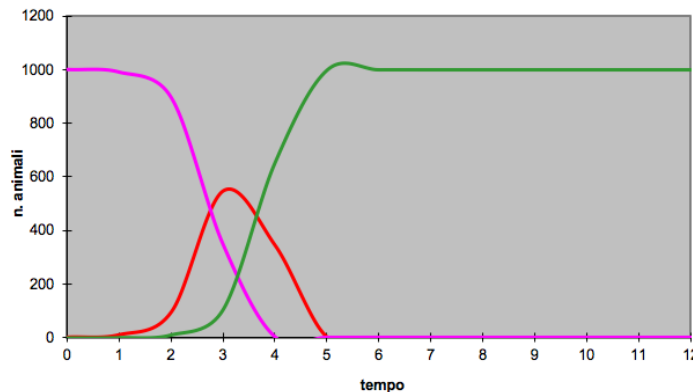
- stessa popolazione N e parametri iniziali e diversa p

Tempo t	Casi C	Sussett. S	Immuni I
0	1	999	0
1	100	899	1
2	899	0	101
3	0	0	1000
4	0	0	1000
5	0	0	1000
6	0	0	1000
7	0	0	1000
8	0	0	1000
9	0	0	1000
10	0	0	1000
11	0	0	1000
12	0	0	1000



$p=0.1$
 $N=1.000$

Tempo t	Casi C	Sussett. S	Immuni I
0	1	999	0
1	10	989	1
2	94	895	11
3	548	346	105
4	345	1	654
5	1	0	999
6	0	0	1000
7	0	0	1000
8	0	0	1000
9	0	0	1000
10	0	0	1000
11	0	0	1000
12	0	0	1000



$p=0.001$
 $N=1.000$

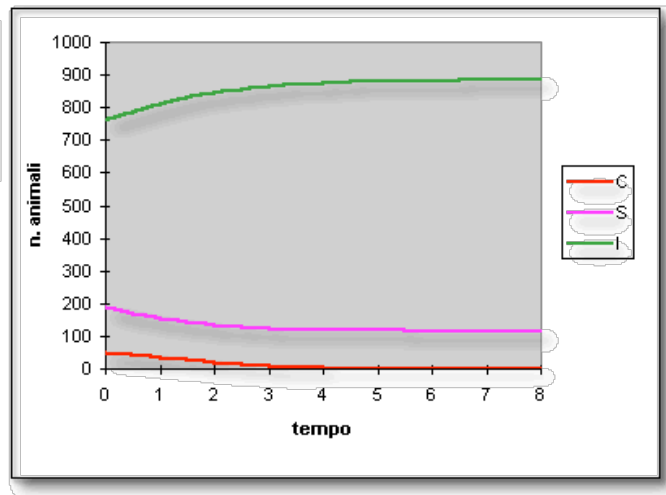
? => diminuendo p si allunga la durata della pandemia ma si riduce il picco => utili distanziamento/isolamento etc etc

Modello epidemiologico Reed-Frost

Interazione tra parametri probabilità di contagio p e popolazione totale N :
 “ N piccolo + p grande” verso “ N grande + p piccola”

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

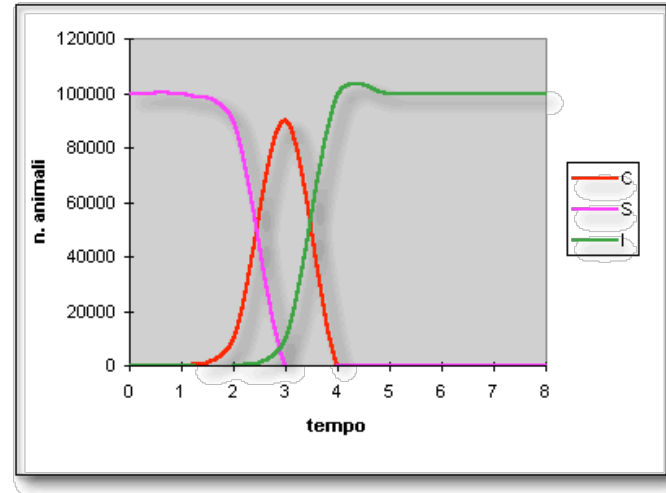
Tempo	Casi	Suscett.	Immuni
t	C	S	I
0	50	190	760
1	35	155	810
2	20	135	845
3	10	125	865
4	5	120	875
5	2	117	880
6	1	116	883
7	1	116	884
8	0	115	884



$p=0.004$
 $N=1.000$

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



$p=0.001$
 $N=100.000$

? => utile suddividere
 la popolazione

Modello epidemiologico Reed-Frost



Alcuni limiti del modello:

- ipotesi poco realistica: che ogni individuo infetto incontri ogni altro individuo suscettibile nel periodo di tempo in cui è infetto e che la probabilità di contatto “efficace” sia uguale per tutti i suscettibili.
- unica modalità di trasmissione
- Periodo di incubazione/infezione fisso $\Rightarrow$ determina Δt
- popolazione chiusa (nè ingressi nè uscite), e condizioni demografiche costanti durante tutta l’evoluzione epidemica: ok se il tasso di natalità e mortalità generale si possono assumere trascurabili rispetto alla scala temporale in cui si svolge la dinamica dell’epidemia.

Modelli stocastici verso deterministici - 2

Alcune osservazioni:

- 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
- Ad es. si può fare un “modello su reticolo” per tener 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*

Modelli Lotka-Volterra e Wa-Tor

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:

è possibile identificare due punti particolari, detti punti fissi.

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

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

Si può fare un
grafico vettoriale

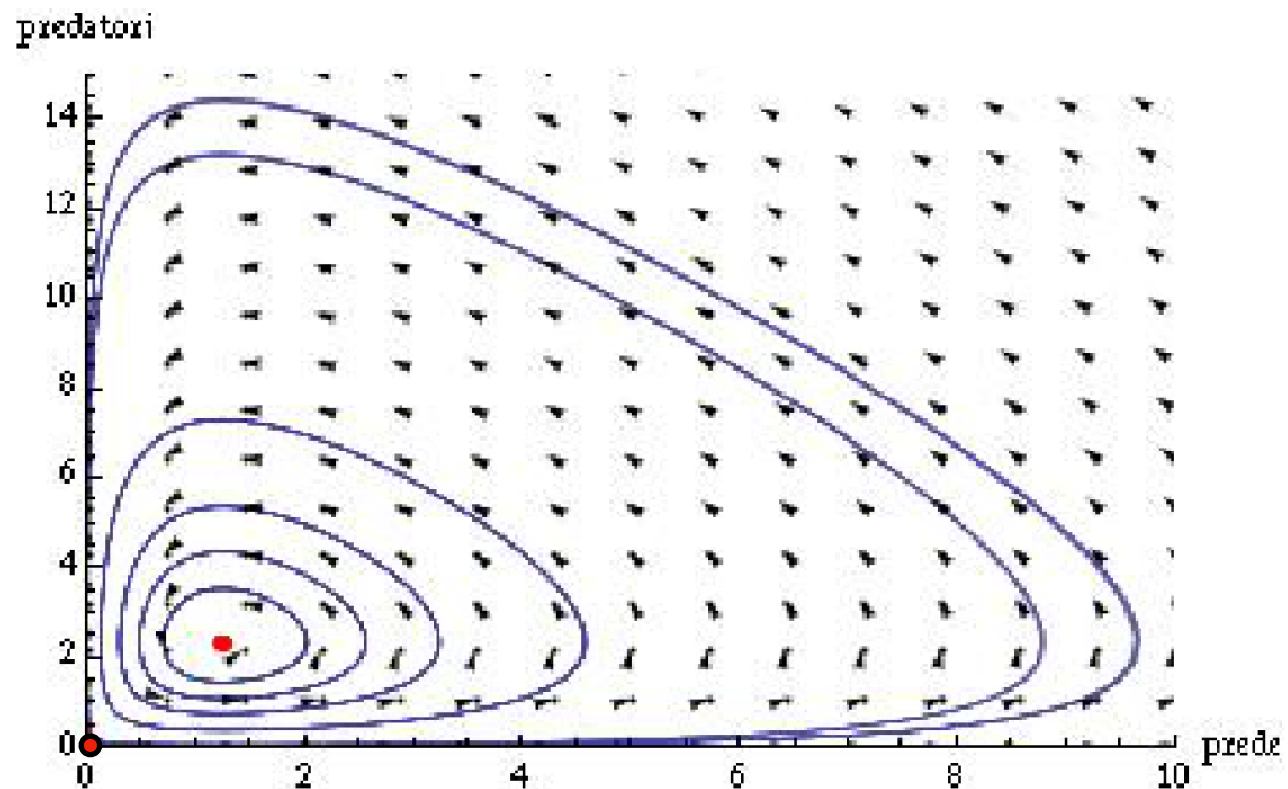


Illustrazione 2: Campo vettoriale nello spazio prede-predatori; sono evidenziati i punti fissi in rosso e alcune orbite del sistema, ottenute tramite integrazioni numerica delle equazioni

Le popolazioni di prede e predatori evolvono dunque in modo ciclico

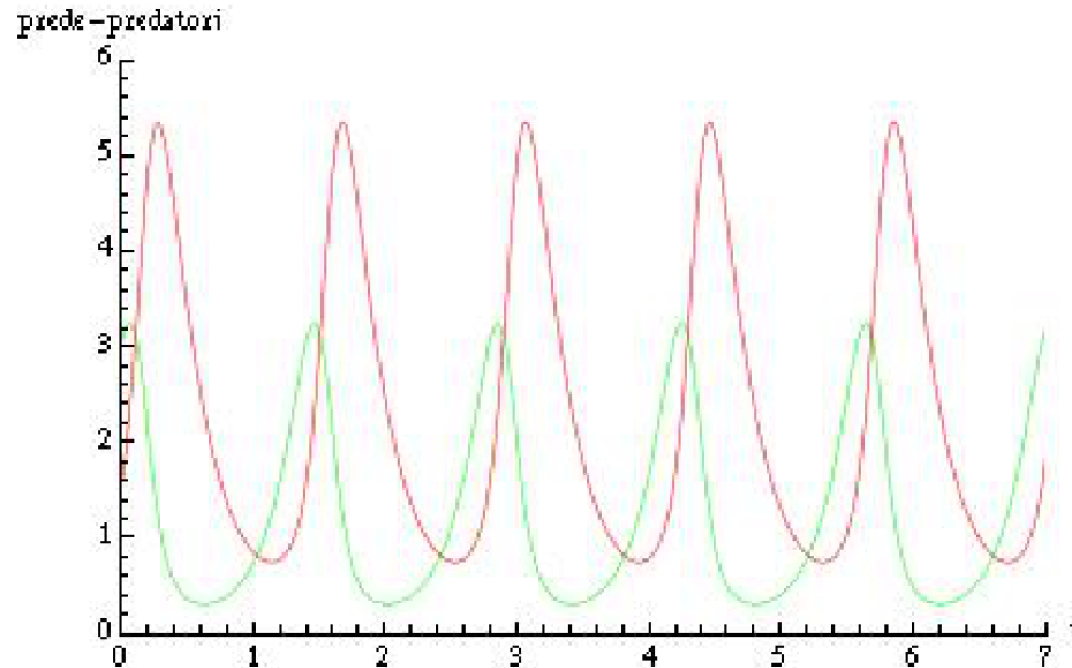


Illustrazione 3: Andamento delle popolazioni di prede (verde) - predatori (rosso) vs. tempo, nel caso di grandi oscillazioni (orbita più esterna del grafico precedente).

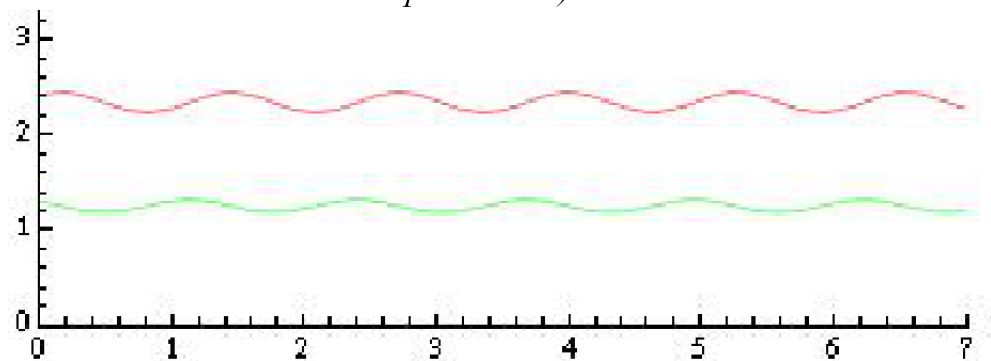


Illustrazione 4: Andamento delle popolazioni di prede (verde) - predatori (rosso) vs. tempo, nell'intorno del punto fisso centrale del grafico precedente.

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

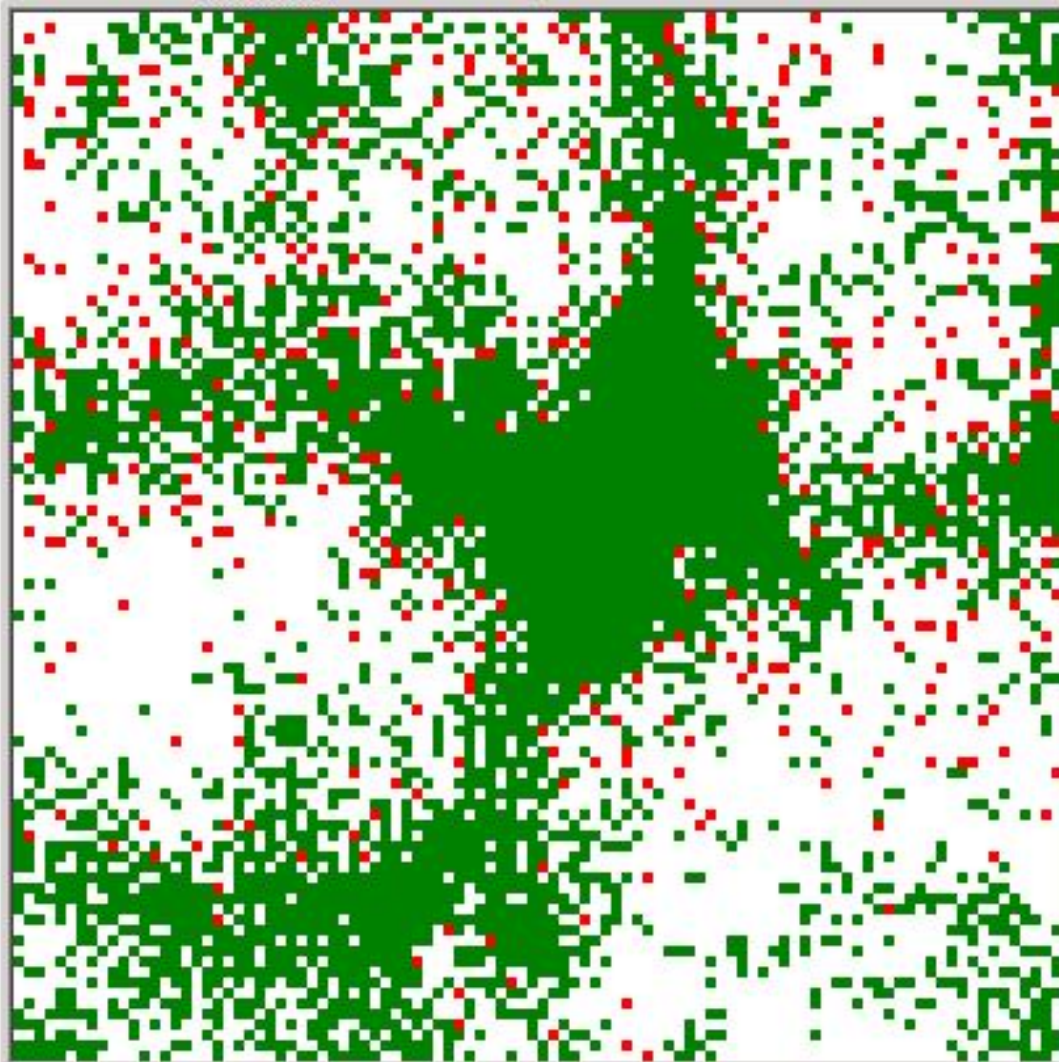
Modello su reticolo quadrato : ogni sito è vuoto o occupato da preda o predatore (=pesce o squalo).

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...)

Algoritmi Genetici

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

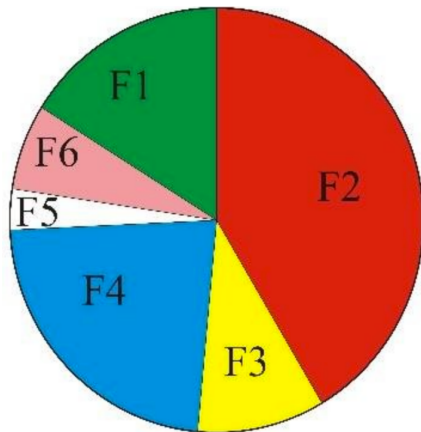
1. Generazione casuale di una popolazione iniziale costituita da un certo numero di “individui”, ognuno con un certo “genoma”;
- 2.
- 3.

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
	1	0	1	0	0	0	0	0	3
genitore	1	0	1	1	0	1	1	0	5

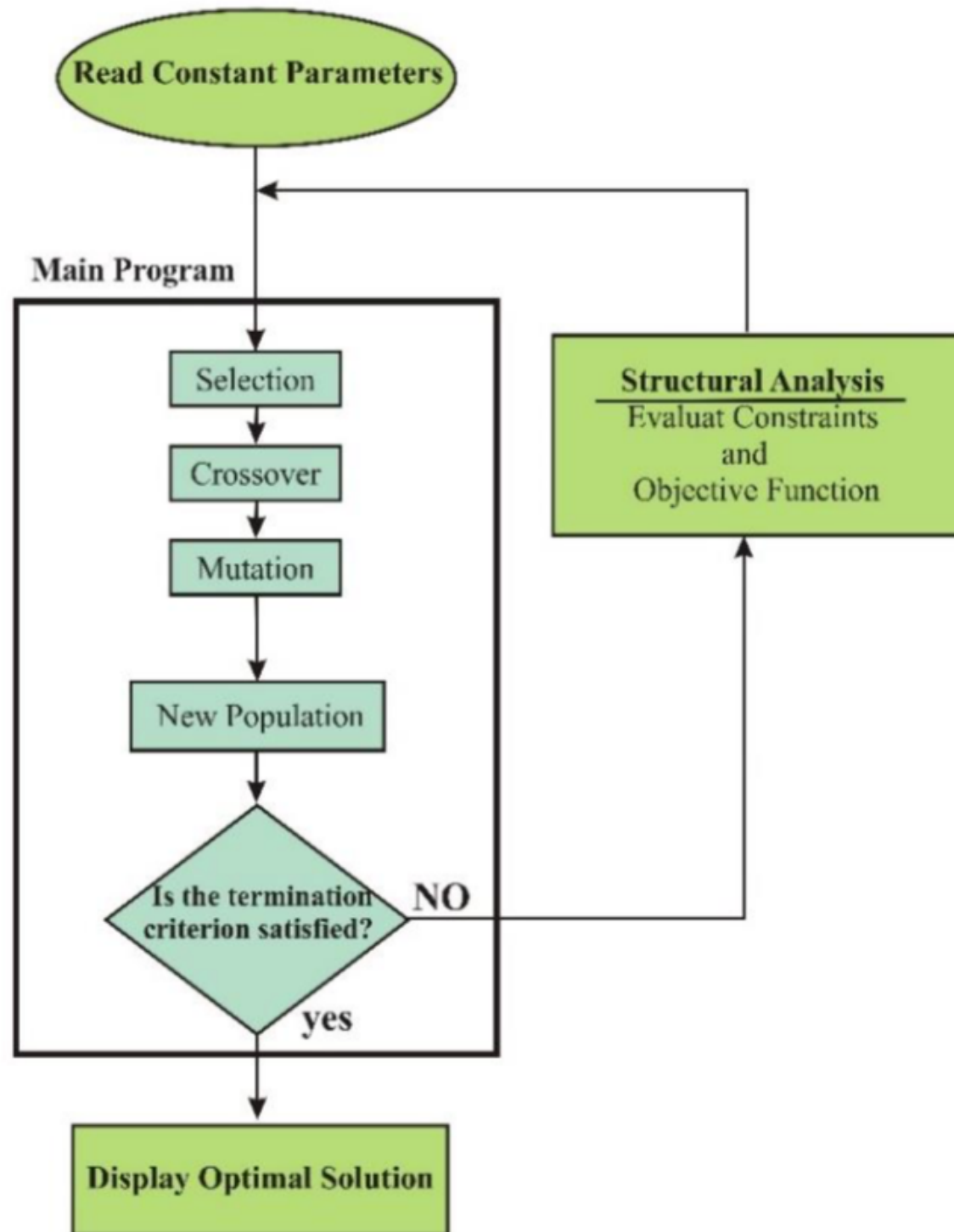
Dopo il crossover:

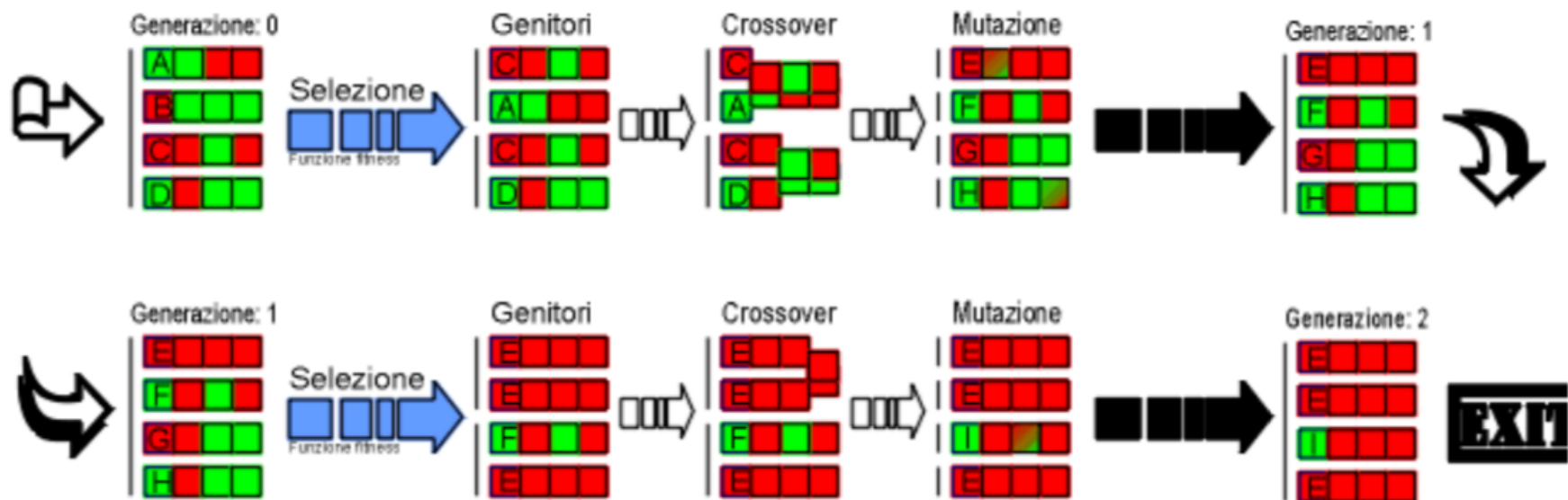
0	1	1	1	0	1	0	1
1	0	0	1	0	1	0	1

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)

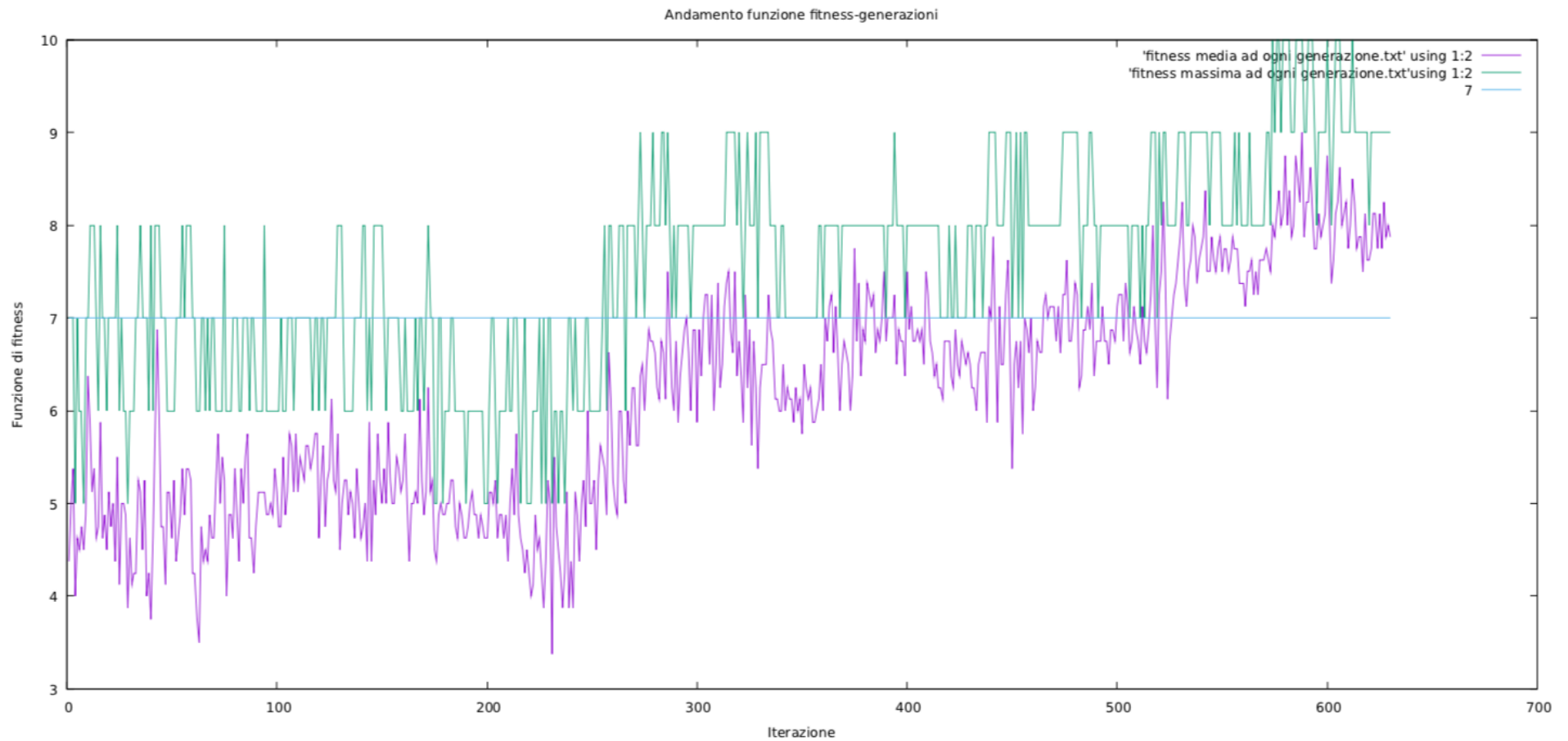




Non esistono dei risultati teorici certi riguardo al numero ottimale della popolazione per un determinato problema, così come non è chiaro quale sia il metodo migliore per scegliere il valore delle probabilità di crossover e mutazione. In genere si procede per via empirica a seconda delle caratteristiche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