



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO - BICOCCA  
Dipartimento di Informatica, Sistemistica e Comunicazione  
Corso di Laurea Magistrale in Informatica

# Modellazione della diffusione del SARS-CoV-2 e delle strategie di contenimento in Italia

*Progetto Sistemi Complessi:  
Modelli e Simulazione*

**Autori:**

Andrea Broccoletti 886155

Simone Lesinigo 899540

# Indice

<b>Introduzione</b>	<b>1</b>
<b>1 Descrizione del modello SEIR</b>	<b>3</b>
1.1 Struttura del modello . . . . .	3
1.1.1 Tassi di cambiamento . . . . .	4
1.2 Assunzioni e Limiti . . . . .	4
<b>2 Parametri</b>	<b>5</b>
2.1 Modello e parametri . . . . .	5
2.2 Costruzione dei parametri . . . . .	5
2.2.1 Tasso di Trasmissione $\beta$ . . . . .	5
2.2.2 Tasso di Incubazione $\alpha$ . . . . .	6
2.2.3 Tasso di Recupero $\gamma$ . . . . .	6
2.2.4 Tasso di Infezione $\mu$ (non trattato) . . . . .	6
<b>3 Ambiente di simulazione</b>	<b>8</b>
3.1 Modello e simulazione . . . . .	8
<b>4 Simulazione Effettuate</b>	<b>10</b>
4.1 Scenari simulati . . . . .	10
4.1.1 Scenario 1: Covid19 - Fase 1 . . . . .	10
4.1.2 Scenario 2: Covid19 - nessuna restrizione . . . . .	11
4.2 Implementazione pratica . . . . .	11
4.2.1 Proprietà degli scompartimenti . . . . .	11
4.2.2 Impostazioni generiche . . . . .	11
4.2.3 Stato iniziale della simulazione . . . . .	12
4.2.4 Scenario 1 - Modifiche al tasso di contagio . . . . .	12
4.2.5 Scenario 2 - Tasso di contagio fisso . . . . .	13
<b>5 Risultati</b>	<b>14</b>
5.1 Simulazione con Misure Restrittive . . . . .	14
5.1.1 Andamento Giornaliero dei Nuovi Casi Positivi . . . . .	14
5.1.2 Evoluzione dei Casi Positivi Attivi . . . . .	16
<b>6 Analisi Comparativa dei Risultati</b>	<b>18</b>
6.1 Confronto tra Dati Reali e Simulazione con Misure Restrittive . . . . .	18
6.1.1 Andamento Giornaliero dei Nuovi Casi Positivi . . . . .	18
6.1.2 Evoluzione dei Casi Positivi Attivi . . . . .	20
6.1.3 Errori riscontrabili . . . . .	21

6.1.4	Analisi della Forma della Curva . . . . .	21
6.1.5	Spiegazione delle differenze statistiche . . . . .	22
6.2	Confronto tra Dati Reali, Simulazione con Restrizioni e Simulazione Senza Restrizioni . . . . .	22
6.2.1	Andamento Giornaliero dei Nuovi Casi Positivi . . . . .	22
6.2.2	Evoluzione dei Casi Positivi Attivi . . . . .	23
6.2.3	Efficacia delle restrizioni . . . . .	25
<b>7</b>	<b>Conclusioni</b>	<b>26</b>
7.1	Valutazione del Modello . . . . .	26
7.2	Valutazione di GLEAMviz . . . . .	27
7.3	Lavori futuri . . . . .	27

# Elenco delle figure

2.1	Implementazione modello SEIR . . . . .	5
3.1	Modello SEIR sviluppato, visualizzabile nell'interfaccia di GLEAM- viz . . . . .	9
5.1	Evoluzione simulata (con restrizioni) dei nuovi casi positivi in Italia	15
5.2	Evoluzione simulata (con restrizioni) dei casi positivi attivi in Italia	16
6.1	Evoluzione simulata (con restrizioni) e reale dei nuovi casi positivi in Italia . . . . .	19
6.2	Evoluzione simulata (con restrizioni) e reale dei casi positivi attivi in Italia . . . . .	20
6.3	Evoluzione reale e simulata (con e senza restrizioni) dei nuovi casi positivi in Italia . . . . .	23
6.4	Evoluzione reale e simulata (con e senza restrizioni) dei casi po- sitivi attivi in Italia . . . . .	24

# Elenco delle tabelle

2.1	Variazioni di $R_t$ . . . . .	6
4.1	Compartimenti e proprietà . . . . .	11
4.2	Posizioni iniziali e numero di individui infetti. . . . .	12
4.3	Variazione del tasso di contagio. . . . .	13

# Introduzione

Nel marzo 2020 l'Italia è stata uno dei primi paesi a essere duramente colpiti dalla pandemia di COVID-19. In risposta alla rapida diffusione del virus SARS-CoV-2, il governo italiano ha introdotto, a partire dal *9 marzo 2020*, una serie di rigorose misure di contenimento su tutto il territorio nazionale. Tuttavia, i primi interventi restrittivi, come la chiusura delle scuole e la limitazione degli eventi pubblici, erano già stati avviati nei giorni precedenti, e il clima di progressiva riduzione della mobilità era già in atto dalla fine di febbraio.

Il presente studio si inserisce in questo contesto, con l'obiettivo di **modellare la diffusione del COVID-19 in Italia durante la Fase 1**, utilizzando un modello SEIR (cfr. Capitolo 1) implementato in GLEAMviz (cfr. Capitolo 3). La scelta di questo periodo è motivata dall'interesse di analizzare l'efficacia delle restrizioni iniziali e valutare la coerenza del modello rispetto ai dati epidemiologici reali.

Pertanto, l'obiettivo di questo lavoro è inizialmente **verificare la bontà del modello** confrontando i risultati della simulazione con i dati reali registrati dalla Protezione Civile Italiana nel periodo in esame. Successivamente, viene proposta una **simulazione alternativa in assenza di restrizioni**, per quantificare l'impatto delle misure adottate per il contenimento della pandemia. Questa analisi comparativa consente di comprendere meglio l'importanza delle politiche di sanità pubblica nei primi mesi della pandemia e di valutare la validità predittiva del modello SEIR in scenari reali.

# Motivazioni

Esulando dall'obiettivo di questa relazione, ovvero di presentare il lavoro svolto, presentiamo una piccola digressione sulle motivazioni che ci hanno spinto a scegliere un modello epidemiologico. Durante il corso ci sono stati presentati principalmente modelli *ad agenti*, che sono *sistemi complessi*, ma non l'unica tipologia esistente. Infatti, in senso largo, è definibile **sistema complesso** *"un sistema dinamico a multicomponenti, ovvero composto da diversi sottosistemi che tipicamente interagiscono tra loro in modo interdipendente, descrivibili analiticamente tramite modelli matematici"*, questi sistemi possono *"essere di natura molto diversa: essi sono in molti casi elementari sistemi fisici (ad esempio meccanici, elettrici, termodinamici), ma anche d'altra natura, ad esempio biologica"* [1].

Evidente è quindi che anche un **modello epidemiologico**, come il **SEIR** utilizzato in questo progetto, è un *sistema complesso*, di natura biologica, descrivibile analiticamente tramite i parametri e le strutture che descriveremo nei successivi capitoli introduttivi.

In particolare, abbiamo utilizzato questo modello all'interno del già citato **GLEAMviz** perché consente di estenderlo e aggiungere aspetti impossibili da raggiungere con un **SEIR** puramente matematico-probabilistico: gestisce una vasta gamma di dati eterogenei, utilizza modelli matematici sofisticati, ha un'architettura distribuita e consente calcoli onerosi, consente simulazioni su larga scala e, soprattutto, simulazioni visibili anche su un piano geografico. [2]

# 1 Descrizione del modello SEIR

In questo capitolo introduttivo, si esplorano caratteristiche, potenzialità e limiti del principio di modellazione SEIR, utilizzato per questo progetto, ma anche in molti altri contesti scientifici che richiedono l'uso di modelli semplici ed efficaci per simulare realtà epidemiologiche.

## 1.1 Struttura del modello

Il modello SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) è un **modello compartimentale epidemiologico** utilizzato nello studio della propagazione di malattie infettive all'interno di una popolazione di riferimento.

Più propriamente, è un'estensione del modello SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*) che però risulta più adatto, grazie alla presenza del compartimento *Exposed*, per modellare malattie con un periodo di incubazione, tra le quali anche il SARS-CoV-2.

Il nome deriva dai quattro compartimenti nei quali la popolazione viene suddivisa:

- **Susceptible:** individui che non sono stati infettati e sono a rischio di contrarre la malattia;
- **Exposed:** individui che sono stati infettati ma non sono ancora infettivi, i.e. si trovano nel periodo di incubazione della malattia;
- **Infected:** individui che sono infetti e sono in grado di trasmettere la malattia ad altri;
- **Recovered:** individui che sono guariti dalla malattia o che sono deceduti e sono quindi rimossi dalla popolazione suscettibile e infettiva.

Nel modello sviluppato in questo progetto, rispetto a quanto descritto fino ad ora, si sono inoltre avanzate le seguenti ipotesi, sulla base di uno degli studi più autorevoli su questa pandemia [3]:

- Gli individui nel compartimento *Exposed* non sono infettivi (ma durante l'epidemia da SARS-CoV-2, qualora fossero stati rilevati dai tamponi molecolari, venivano registrati come infetti);
- Gli individui nel compartimento *Infected* non possono avere mobilità o interazioni sociali.



### 1.1.1 Tassi di cambiamento

Il modello è tipicamente descritto da un sistema di equazioni differenziali ordinarie che rappresentano il tasso di cambiamento degli individui in ciascun compartimento. L'obiettivo di questo progetto è però la costruzione di un modello SEIR in GLEAMviz e non lo studio del modello stesso, pertanto sorvoleremo la definizione di tali equazioni. Importante è invece definire quali tassi governano lo spostamento degli individui tra i compartimenti:

- **Tasso beta** ( $\beta$ ) è il *tasso di trasmissione*, che rappresenta il numero medio di contatti infettanti per individuo infetto per unità di tempo;
- **Tasso alpha** ( $\alpha$ ) è il *tasso di incubazione*, che rappresenta la durata media del periodo di incubazione;
- **Tasso gamma** ( $\gamma$ ) è il *tasso di recupero*, che rappresenta la durata media del periodo infettivo.

## 1.2 Assunzioni e Limiti

Per quanto sia un modello affidabile, si avvale di alcune assunzioni che introducono, inevitabilmente, delle approssimazioni della realtà.

La popolazione è **chiusa** ed ogni individuo ha la stessa probabilità di entrare in contatto con qualsiasi altro individuo, non esiste una struttura geografica, l'immunità è permanente e si assume che la malattia abbia un decorso **lineare** senza ricadute o stati intermedi.

Inoltre, per avere un modello accuratamente calibrato, sono necessari dati epidemiologici robusti e reali, che non sempre sono disponibili. In questo caso, tuttavia, l'eccezionale portata della pandemia di SARS-CoV-2 ha favorito la produzione di un'enorme quantità di studi e dati affidabili.

Tali assunzioni sono proprie di modelli SEIR puri, e sono in gran parte superate dal software GLEAMviz che accosta alla potenza dei *modelli compartimentali deterministici* la flessibilità dei *modelli ad agenti*.

## 2 Parametri

In questo capitolo viene approfondito l'aspetto dei parametri introdotti nel capitolo precedente, individuando i valori utilizzati in questo progetto.

### 2.1 Modello e parametri

Considerando quanto discusso nel capitolo precedente, e quanto si vuole modellare del SARS-CoV-2, questo progetto utilizza il modello SEIR descritto in Figura 2.1.

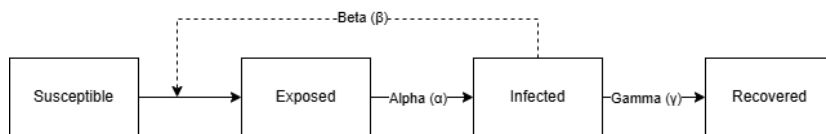


Figura 2.1: Implementazione modello SEIR

### 2.2 Costruzione dei parametri

I parametri, anche se prontamente ottenibili da diverse ricerche, sono stati calcolati sulla base dei dati reali raccolti nel corso di tutti gli anni di pandemia, per poter costruire un modello più solido e unico. Di seguito viene presentato ogni parametro, con i valori associati e la metodologia di ricerca di tali valori.

#### 2.2.1 Tasso di Trasmissione $\beta$

Il tasso di trasmissione, che rappresenta il numero medio di contatti infettanti per individuo infetto per unità di tempo, è direttamente conseguente al **numero di riproduzione base** ( $R_t$ ), il quale indica la potenziale trasmissibilità di una malattia infettiva non controllata in una popolazione completamente suscettibile. I valori di  $R_t$  adoperati in questo lavoro sono stati ottenuti dal sito ufficiale dell'Istituto Nazionale di Fisica Nucleare [4], utilizzando i dati presentati nel grafico in cui l' $R_t$  è stimato secondo il metodo proposto da Cori et al. [5]. Il metodo di Cori è stato scelto per la sua robustezza statistica e l'ampio utilizzo nelle stime di  $R_t$  durante le epidemie grazie alla sua capacità di adattarsi a dati in tempo reale.

In particolare, il calcolo che lega i due parametri è:

$$\beta = R_t \cdot \gamma$$

A partire dai valori di  $R_t$  calcolati come media aritmetica nell'intervallo temporale e riportati in Tabella 2.1, è stato possibile calcolare i corrispondenti valori del tasso di trasmissione  $\beta$  (riportati in Tabella 4.3 del Capitolo 4).

Inizio	Fine	Tasso $R_t$
04/03/2020	10/03/2020	2.88
11/03/2020	17/03/2020	2.31
18/03/2020	24/03/2020	1.81
25/03/2020	31/03/2020	1.26
01/04/2020	07/04/2020	0.93
08/04/2020	14/04/2020	0.88
15/04/2020	21/04/2020	0.85
22/04/2020	28/04/2020	0.83
29/04/2020	04/05/2020	0.73

Tabella 2.1: Variazioni di  $R_t$ .

### 2.2.2 Tasso di Incubazione $\alpha$

Il tasso di incubazione, che rappresenta la durata media del periodo di incubazione, è diretta conseguenza della velocità con cui gli individui esposti diventano infettivi, velocità che è espressa in termini di giorni.

La letteratura è concorde [6] sul ritenere valido **6.5** come numero di giorni medio del periodo di incubazione, di conseguenza il tasso  $\alpha$  è pari a **0.15**, secondo l'equazione:

$$\alpha = \frac{1}{\text{day}}$$

### 2.2.3 Tasso di Recupero $\gamma$

Il tasso di recupero, che rappresenta la durata media del periodo infettivo, è diretta conseguenza della velocità con cui gli individui infetti guariscono o vengono rimossi, velocità che è espressa in termini di giorni.

Anche in questo caso, la letteratura conviene [7] sul ritenere valido **8.5** come numero di giorni medio del periodo di infettività, di conseguenza il tasso  $\gamma$  è pari a **0.12**, secondo l'equazione:

$$\gamma = \frac{1}{\text{day}}$$

### 2.2.4 Tasso di Infezione $\mu$ (non trattato)

In alcuni modelli SEIR [8], anche la popolazione nel compartimento *Exposed* è in grado di infettare, ma come già esposto nel Capitolo 1, il modello sviluppato

per questo progetto semplifica questo aspetto, trascurandolo.

Infatti, non è propriamente chiara quale sia la potenza infettiva degli *exposed*, con alcune ricerche che attestano la loro contagiosità al 50% rispetto al tasso di trasmissione  $\beta$  [8] e altre che, come nel modello di questo progetto, trascurano la loro contagiosità.

## 3 Ambiente di simulazione

L'ambiente di simulazione scelto per questo progetto è **GLEAMviz** (<https://www.gleamviz.org/>), un simulatore epidemiologico specificatamente realizzato per effettuare simulazioni della diffusione di malattie infettive su scala globale.

Il sistema si basa sul modello GLEAM - Global Epidemic and Mobility, un modello computazionale stocastico che incorpora dati demografici e di mobilità e utilizza un approccio compartimentale per definire le caratteristiche epidemiche delle malattie infettive.

### 3.1 Modello e simulazione

Il modello epidemiologico scelto può essere rappresentato attraverso dei compartimenti e delle transizioni tra di essi. Per ogni compartimento, si può definire quali comportamenti sociali sono consentiti e quali no (e.g. pendolarismi e viaggi).

GLEAMviz permette di eseguire simulazioni con singola esecuzione o esecuzioni multiple. Nel caso di più esecuzioni, si può definire il loro numero e i risultati verranno presentati con la mediana e l'intervallo di confidenza.

Per quanto riguarda le interazioni tra compartimenti, il sistema calcola la percentuale media del traffico aereo e, per ogni volo simulato, il numero di passeggeri. È possibile abilitare la stagionalità tramite un algoritmo integrato che ricalibra l' $R_t$ . Infine, per il modello di pendolarismo, è possibile definire il numero medio di ore trascorse dai pendolari a destinazione (con valore predefinito a 8 ore).

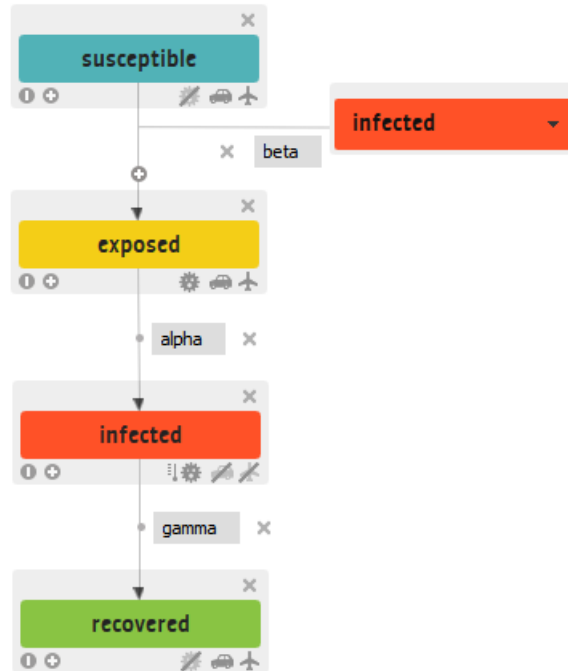


Figura 3.1: Modello SEIR sviluppato, visualizzabile nell'interfaccia di GLEAMviz

GLEAMviz consente infine di impostare il numero minimo di casi clinici necessari in un paese per considerarlo infetto e il numero minimo di paesi infetti affinché un'epidemia sia considerata globale. Si può anche specificare la composizione iniziale della popolazione per ogni compartimento in percentuale della popolazione globale totale, così come le posizioni epidemiche iniziali (città) e il numero di individui nel dato compartimento.

## 4 Simulazione Effettuate

In questo capitolo vengono descritte nel dettaglio le simulazioni realizzate per analizzare l'andamento della diffusione del SARS-CoV-2 in Italia. I modelli estesi in formato *xml* dei due scenari sono disponibili al seguente link: <https://github.com/BrockDeveloper/ItCovid19SEIR>.

### 4.1 Scenari simulati

Per quanto riguarda il caso in studio, GLEAMviz è stato configurato in due scenari diversi, ognuno presentato in una simulazione isolata.

#### 4.1.1 Scenario 1: Covid19 - Fase 1

Il primo scenario ricostruisce quella che giornalmente viene definita la **Fase 1** dell'epidemia di Covid-19 in Italia, ovvero il periodo compreso tra il *9 marzo 2020* e il *4 maggio 2020*, durante il quale furono introdotte le prime e più rigorose misure di contenimento.

Per garantire una maggiore coerenza temporale con la disponibilità dei dati epidemiologici, la simulazione ha inizio il *4 marzo 2020*, data in cui erano già evidenti segnali di diffusione del virus ed erano già in atto le prime misure precauzionali. Questo punto di partenza consente di osservare in modo più accurato l'evoluzione dell'epidemia in concomitanza con l'introduzione delle restrizioni.

Nel corso della Fase 1, scuole, università, trasporti pubblici e tutte le attività ricreative, sportive e non essenziali sono state sospese in modo parziale o totale. Dove possibile, il lavoro è stato convertito in modalità remota, contribuendo a ridurre i contatti interpersonali e rallentare la trasmissione del virus. A queste misure si è affiancata una progressiva riduzione della mobilità interna, sia pendolare che aerea, in risposta all'aggravarsi della situazione sanitaria [9] [10] [11].

L'interesse nell'analizzare questo scenario risiede nel fatto che le misure restrittive furono introdotte in tempi relativamente brevi, ma quando la trasmissione del virus era già ampiamente in corso. Ciò consente di valutare l'efficacia delle politiche di contenimento adottate e di confrontare l'andamento reale dell'epidemia con le previsioni del modello.

### 4.1.2 Scenario 2: Covid19 - nessuna restrizione

Il secondo scenario si pone come obiettivo quello di simulare la *Fase 1*, ma senza introdurre alcuna restrizione.

Questo scenario si limita quindi a studiare la diffusione dei contagi, senza apportare modifiche al tessuto dell'interazione sociale o ai tassi di contagio.

## 4.2 Implementazione pratica

### 4.2.1 Proprietà degli scompartimenti

Come già presentato nel capitolo 1, il modello SEIR proposto si compone di 4 compartimenti, che in GLEAMviz sono stati modellati come in Tabella 4.1.

	Susceptible	Exposed	Infected	Recovered
Infettività	Nessuna	Portatore	Clinico	Nessuna
Pendolarismo	Consentito	Consentito	Vietato	Consentito
Viaggi aerei	Consentito	Consentito	Vietato	Consentito

Tabella 4.1: Compartimenti e proprietà

Si rimanda al capitolo 2 per avere una panoramica completa sui compartimenti e sulle possibili transizioni.

### 4.2.2 Impostazioni generiche

Per quanto riguarda le impostazioni più generiche, si ha:

- **Simulazione multipla** a 20 run (valore di default)
- **Data di inizio** 4 marzo 2020
- **Traffico aereo**
  - *Scenario 1* 30% (traffico aereo stimato a partire dalla riduzione del numero di passeggeri e di voli [10])
  - *Scenario 2* 100%
- **Commuting model** modello a radiazione [8]
- **Tempo speso** al di fuori dello spazio abitativo
  - *Scenario 1* 4 ore (stima effettuata sulla riduzione media del traffico pendolare [11] e sulle ore pro-capite lavorative settimanali [9])
  - *Scenario 2* 8 ore, giornata lavorativa media
- **Stagionalità** disabilitata, in quanto il SARS-CoV-2 non è stagionale, e non ci sono evidenze fortemente contrarie [12]



### 4.2.3 Stato iniziale della simulazione

In Tabella 4.2 sono presentati i contagi impostati in GLEAMviz al 4 Marzo 2020.

Nazione	Città	N. di individui infetti
Austria	Innsbruck	22
	Vienna	21
Francia	Lille	65
	Lione	49
	Strasburgo	38
	Parigi	55
Germania	Düsseldorf	115
	Monaco	48
	Stoccarda	50
Italia	Ancona	80
	Bologna	516
	Firenze	37
	Milano	1497
	Napoli	31
	Roma	27
	Torino	82
	Venezia	345
Spagna	Barcellona	24
	Madrid	90
Cina	Pechino	1267
	Wuhan	24085
Iran	Teheran	2259
Giappone	Tokyo	278
Singapore	Singapore	33
Corea del Sud	Seul	5547

Tabella 4.2: Posizioni iniziali e numero di individui infetti.

Anche se l'intento del progetto è studiare l'andamento del SARS-CoV-2 in Italia, per una simulazione più fedele ed aderente alla realtà, si è scelto di includere alcuni contagi [8] in stati limitrofi allo stato italiano o comunque in stati che hanno avuto un ruolo preponderante nella pandemia (e.g. zone orientali).

### 4.2.4 Scenario 1 - Modifiche al tasso di contagio

Per il solo *Scenario 1*, l'introduzione progressiva di restrizioni si è tradotta in una variazione progressiva del tasso di contagio  $\beta$ . I valori di  $\beta$  sono stati calcolati come descritto nella Sezione 2.2.1. In GLEAMviz, tali variazioni sono state rappresentate attraverso delle **eccezioni**, che hanno modificato il comportamento dei contagi in precisi istanti temporali, così come descritto nella Tabella 4.3.

Si rimanda al capitolo 2 per avere una panoramica completa sui parametri utilizzati e sulla metodologia di calcolo degli stessi.

Inizio	Fine	Beta ( $\beta$ )
04/03/2020	10/03/2020	0.36
11/03/2020	17/03/2020	0.27
18/03/2020	24/03/2020	0.21
25/03/2020	31/03/2020	0.15
01/04/2020	07/04/2020	0.11
08/04/2020	14/04/2020	0.10
15/04/2020	21/04/2020	0.10
22/04/2020	28/04/2020	0.10
29/04/2020	04/05/2020	0.10

Tabella 4.3: Variazione del tasso di contagio.

#### 4.2.5 Scenario 2 - Tasso di contagio fisso

A differenza dello *Scenario 1*, lo *Scenario 2* non prevede l'introduzione di alcuna misura restrittiva. Di conseguenza, il tasso di contagio  $\beta$  rimane costante per tutta la durata della simulazione.

Il valore di  $\beta$  è stato mantenuto pari a **0.36**, corrispondente al valore iniziale adottato nello *Scenario 1* prima dell'introduzione delle restrizioni. Questo consente di analizzare l'evoluzione della epidemia in un contesto privo di interventi di contenimento, servendo da termine di confronto rispetto allo scenario reale.

## 5 Risultati

In questo capitolo verranno analizzati esclusivamente i risultati della simulazione con l'applicazione di misure restrittive (*Scenario 1*). I risultati della simulazione in assenza di restrizioni (*Scenario 2*) saranno invece discussi nella sezione dedicata all'analisi comparativa (cfr. Sezione 6.2).

### 5.1 Simulazione con Misure Restrittive

La simulazione è stata condotta nel periodo compreso tra il *4 marzo 2020* e il *4 maggio 2020*. Le misure restrittive adottate sono descritte nello *Scenario 1* riportato nella Sezione 4.2.2. I risultati sono stati analizzati in termini di **nuovi casi giornalieri** e **casi positivi attivi**, utilizzando la mediana delle simulazioni come valore centrale, accompagnata da un intervallo di confidenza definito dal lower bound e dall'upper bound.

#### 5.1.1 Andamento Giornaliero dei Nuovi Casi Positivi

In Figura 5.1 è mostrata l'evoluzione simulata dei **nuovi casi positivi giornalieri**. Il grafico evidenzia chiaramente tre fasi distinte: una fase di crescita iniziale, un picco epidemico e una successiva fase di declino.

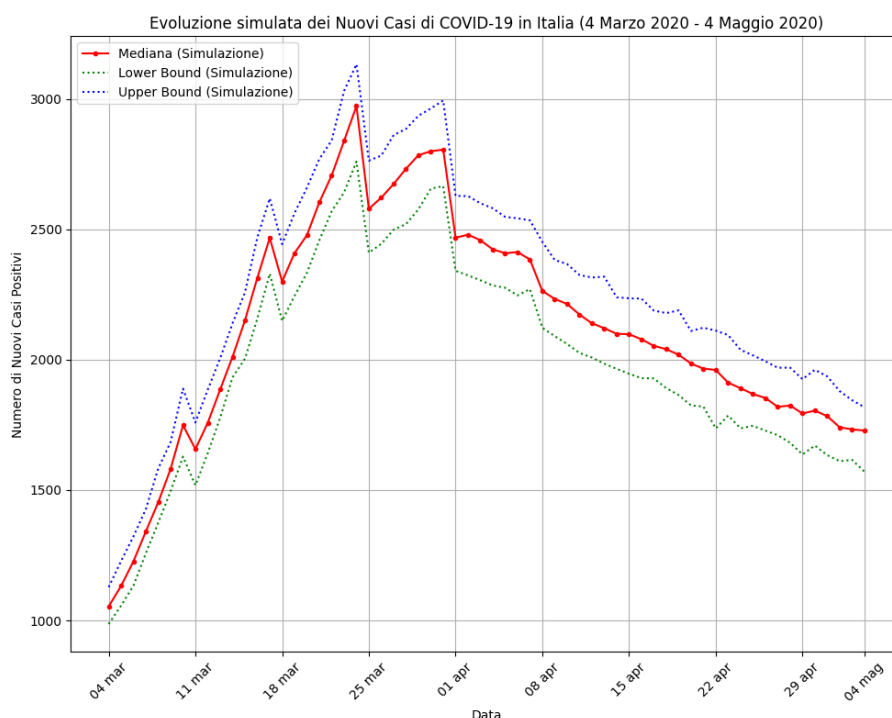


Figura 5.1: Evoluzione simulata (con restrizioni) dei nuovi casi positivi in Italia

Si osserva una **fase di crescita iniziale** a partire dai primi di marzo, dove il numero di nuovi casi giornalieri aumenta rapidamente, passando da circa 1100 casi il 4 marzo a circa 3000 casi entro la fine di marzo. Questo rapido incremento riflette la rapida diffusione del virus prima che le misure di contenimento avessero pieno effetto.

La curva raggiunge un **picco attorno alla quarta settimana di marzo**, specificamente il 24, dove la mediana simulata (linea rossa) si attesta intorno ai 2800-3000 nuovi casi giornalieri. Questo punto di massimo rappresenta il culmine della prima ondata epidemica in Italia, riflettendo il tempo di latenza tra l'introduzione delle misure restrittive e il loro impatto sui dati epidemiologici.

Successivamente, si osserva una **progressiva e costante riduzione del numero di nuovi contagi** fino all'inizio di maggio. La mediana simulata scende gradualmente, attestandosi intorno ai 1700-1800 casi giornalieri verso il 4 maggio. Questo comportamento riflette l'efficacia delle misure di contenimento introdotte nel corso di marzo (Decreti del Presidente del Consiglio dei Ministri [13]), che hanno progressivamente ridotto il tasso di trasmissione del virus. Tale efficacia è ulteriormente supportata dalla graduale diminuzione dell'indice  $R_t$  mostrata in Tabella 2.1.

Il valore mediano della simulazione (linea rossa) mostra una **buona stabilità**

**all'interno dell'intervallo di incertezza** definito dal bound inferiore (linea verde tratteggiata) e dal bound superiore (linea blu tratteggiata). Questo suggerisce una robustezza del modello simulativo.

L'**ampiezza dell'intervallo di incertezza** rimane contenuta nella fase iniziale della pandemia. Tuttavia, essa si amplia leggermente nelle fasi successive, segnalando una maggiore variabilità nei risultati delle simulazioni. Questo comportamento è atteso e intrinseco ai processi stocastici data la propagazione dell'incertezza nel tempo.

### 5.1.2 Evoluzione dei Casi Positivi Attivi

In Figura 5.2 è riportata l'evoluzione simulata dei **casi positivi attivi** in Italia nel periodo compreso tra il 4 marzo e il 4 maggio 2020.

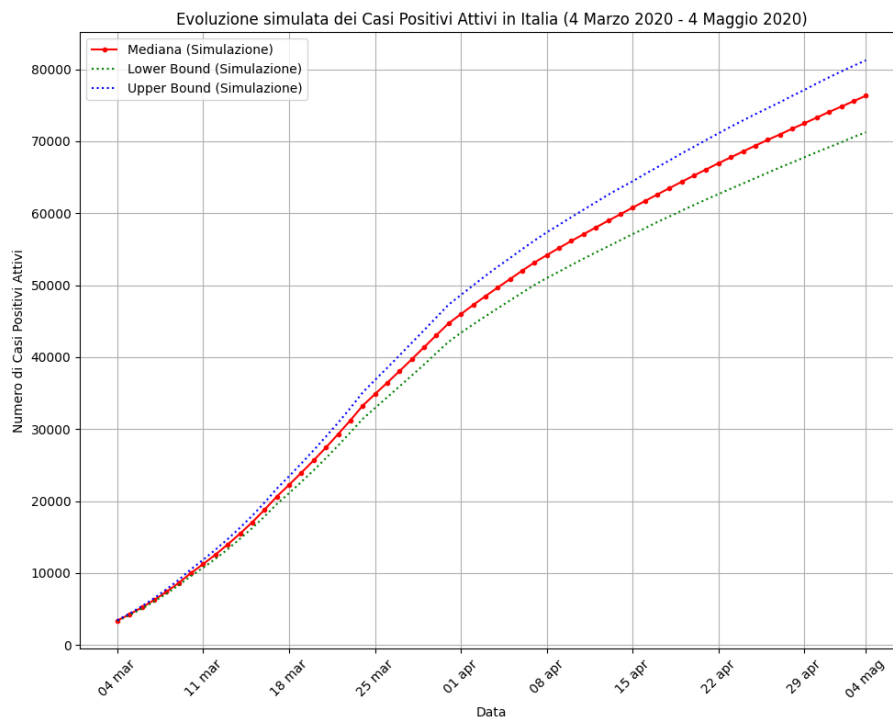


Figura 5.2: Evoluzione simulata (con restrizioni) dei casi positivi attivi in Italia

Nella fase iniziale, si osserva una crescita **esponenziale**, coerente con la dinamica attesa nei primi stadi di un'epidemia non ancora controllata. Il numero di infetti attivi supera i 30.000 già entro l'inizio della quarta settimana di marzo, riflettendo l'accumulo dei nuovi casi registrati giornalmente e il picco raggiunto nello stesso periodo, discusso precedentemente in Figura 5.1.

L'aumento dei casi positivi attivi prosegue per tutto il mese di aprile, ma con una **pendenza che diventa progressivamente meno accentuata**. Questo

cambiamento nell'andamento indica che, sebbene continuino a emergere nuovi casi, il numero di individui che guariscono o che non sono più considerati attivi (usciti dal compartimento "infetti") comincia a controbilanciare, almeno in parte, i nuovi ingressi. Tale dinamica è direttamente supportata dalla riduzione dei nuovi casi giornalieri osservata a partire dal 1° aprile (come evidenziato in Figura 5.1), un chiaro segnale dell'efficacia delle misure restrittive introdotte.

L'intervallo di incertezza (bound inferiore e superiore) mostra un comportamento simile a quello già descritto per i nuovi casi giornalieri, risultando contenuto nella fase iniziale e ampliandosi leggermente nel tempo, a causa della naturale propagazione dell'incertezza nei modelli stocastici.

Nel complesso, l'andamento dei casi positivi attivi simulati risulta coerente con quanto atteso in presenza di restrizioni efficaci: una fase iniziale di rapida espansione, seguita da un rallentamento progressivo della crescita dell'epidemia.

## 6 Analisi Comparativa dei Risultati

In questo capitolo verranno confrontati i dati ottenuti dalla simulazione con i dati raccolti dalla Protezione Civile Italiana [14] nella realtà.

### 6.1 Confronto tra Dati Reali e Simulazione con Misure Restrittive

L'obiettivo principale di questo modello epidemiologico non è quello di ricalcare fedelmente la realtà, bensì cogliere quelle che sono le caratteristiche principali del contagio. Queste caratteristiche sono riassumibili nella **curva di contagio**, visualizzabile in Figura 6.2: se la forma della curva simulata si avvicina a quella osservata, significa che il modello è in grado di replicare adeguatamente le *caratteristiche epidemiologiche* del fenomeno, rendendo dunque affidabile il *modello matematico* sottostante [15].

Le curve rappresentano l'andamento giornaliero dei dati e possono essere confrontate anche quantitativamente tramite opportuni indicatori statistici, al fine di valutare la qualità della simulazione.

#### 6.1.1 Andamento Giornaliero dei Nuovi Casi Positivi

In Figura 6.1 sono riportate le curve relative all'evoluzione giornaliera dei nuovi casi positivi, sia nei dati reali che nella simulazione. In entrambe si osserva il tipico andamento esponenziale del contagio da SARS-CoV-2: una fase di crescita rapida, il raggiungimento di un picco, seguita da una fase di discesa e infine una di assestamento.

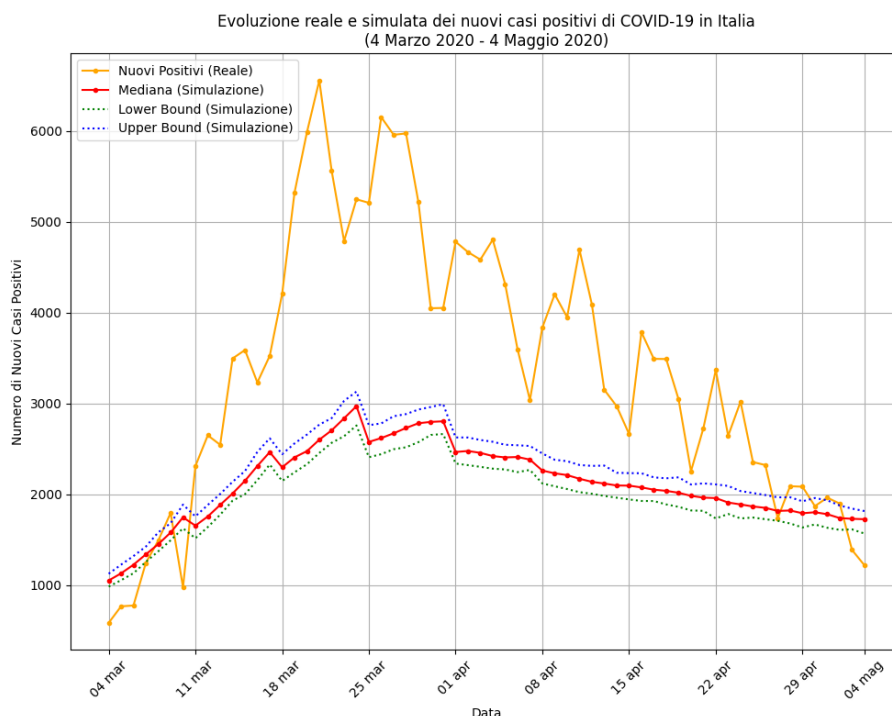


Figura 6.1: Evoluzione simulata (con restrizioni) e reale dei nuovi casi positivi in Italia

Nella fase crescente, identificabile dall'inizio di marzo fino alla metà del mese stesso, viene riscontrata una crescita esponenziale molto rapida, con un picco ben definito tra il 20 e il 22 marzo, dove si superano i 6.000 casi giornalieri. Anche la simulazione prevede un aumento dei casi, ma molto più graduale e con un picco significativamente inferiore rispetto a quello reale.

Successivamente, a partire dal 1° aprile, inizia la fase di discesa. In questa fase la simulazione riesce a catturare la tendenza decrescente e la stabilizzazione dei casi. Si evidenzia comunque la differenza tra il comportamento di discesa costante della simulazione rispetto a quello oscillatorio della realtà, probabilmente legato a fluttuazioni nella raccolta dei dati e a fattori non modellizzati.

Infine, nella fase di assestamento, il modello mostra un'elevata aderenza all'evoluzione reale, con i valori simulati che rimangono stabilmente all'interno dell'intervallo di confidenza rispetto ai dati osservati.

In sintesi, la simulazione tende a sottostimare il picco iniziale dei contagi, ma guadagna progressivamente affidabilità nella fase discendente e in quella di stabilizzazione. Questo comportamento suggerisce che, pur non cogliendo perfettamente l'intensità iniziale dell'ondata epidemica, il modello riesce a rappresentare con buona accuratezza l'andamento a medio-lungo termine dell'epidemia nel periodo analizzato.



### 6.1.2 Evoluzione dei Casi Positivi Attivi

In Figura 6.2 sono riportati i casi positivi attivi rilevati giornalmente, sia nella simulazione con restrizioni che nei dati reali. Sebbene un'analisi quantitativa di questi dati sarà presentata successivamente (cfr. Sezione 6.1.4) è importante riscontrare le evidenze emerse anche graficamente.

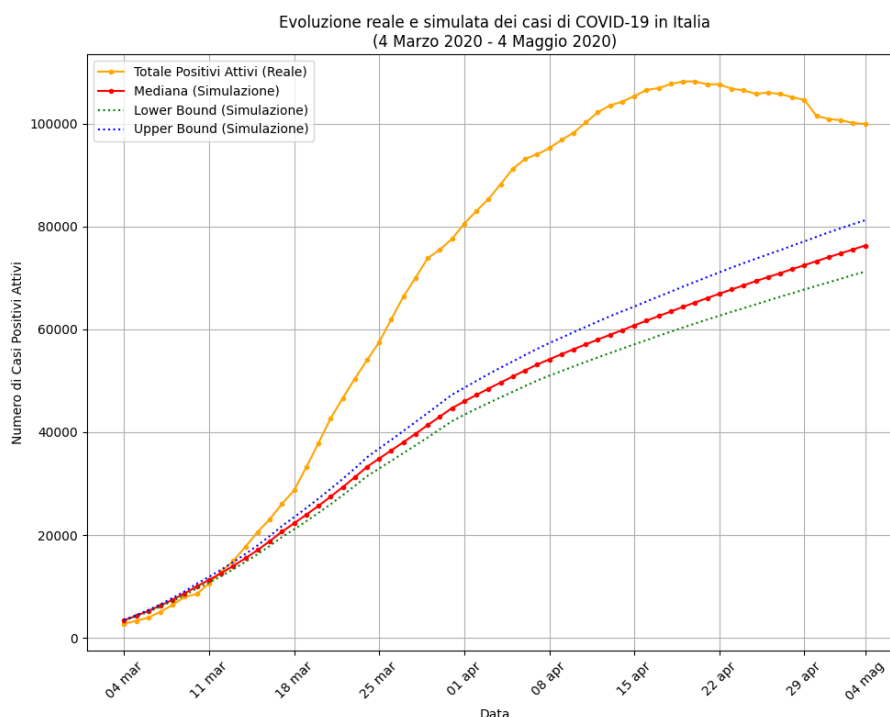


Figura 6.2: Evoluzione simulata (con restrizioni) e reale dei casi positivi attivi in Italia

Inizialmente, i dati reali e la simulazione si sovrappongono indicando che, in questa fase di crescita esponenziale iniziale, la simulazione ha catturato l'andamento dei casi attivi. Tuttavia, a partire da metà marzo, emerge una chiara divergenza: i dati reali mostrano un'accelerazione più marcata rispetto alla simulazione, che risulta quindi sottostimata.

Per gran parte del mese di aprile, il numero reale di casi attivi si mantiene significativamente al di sopra delle simulazioni del modello, non solo superando la mediana, ma anche l'intero intervallo di confidenza. Questo suggerisce che il numero effettivo di casi attivi è stato più alto di quanto il modello avesse previsto.

Tali risultati sono coerenti con quanto riscontrato negli studi precedenti (cfr. Sezione 6.1).

Nonostante la simulazione abbia sottostimato il numero di casi attivi, ha co-

munque catturato la tendenza di una crescita significativa nella prima parte del periodo e la conseguente lieve discesa dei casi attivi che si è verificata nella realtà.

### 6.1.3 Errori riscontrabili

Da un punto di vista statistico, si riscontrano i seguenti indicatori di errore:

RMSE: 12859.45

MAE: 10990.50

Tali valori suggeriscono la presenza di *outlier* nella simulazione, con scostamenti significativi rispetto ai dati reali, in particolare per quanto riguarda sottostime evidenti (come si osserva chiaramente nelle Figure 6.1 e 6.2).

In media, la simulazione sottostima di circa 11.000 casi rispetto ai dati osservati. Sebbene tale valore sia contenuto se rapportato alla popolazione totale italiana considerata nel modello (61.984.804 persone in GLEAMviz), rimane comunque un margine di errore significativo, soprattutto se l'obiettivo fosse una riproduzione fedele dell'evoluzione reale dell'epidemia.

### 6.1.4 Analisi della Forma della Curva

Come già evidenziato, nei modelli di questo tipo l'obiettivo principale non è la precisione punto per punto, ma la capacità di riprodurre fedelmente l'andamento complessivo della curva epidemica. Per valutare questo aspetto si utilizza il *coefficiente di determinazione* ( $R^2$ ), che misura la proporzione della variabilità dei dati reali spiegata dal modello. Un valore prossimo a 1 indica un'elevata capacità predittiva.

Il modello in esame ha un coefficiente di determinazione pari a 0.8576, il che significa che circa l'86% della variabilità osservata nei dati reali è spiegata dalla simulazione. Si tratta di un risultato soddisfacente, soprattutto considerando che il restante 14% di variabilità potrebbe essere attribuibile a fattori non modellizzati, come comportamenti individuali, errori di rilevazione o variabilità locale.

Un confronto più accurato è però possibile grazie al *test di Kolmogorov-Smirnov*, un test non parametrico utilizzato per determinare se due campioni provengono dalla stessa distribuzione di probabilità. In questo caso il confronto nasce tra il campione di dati reali e quelli simulati dal modello. Il test fornisce i seguenti risultati:

KS Statistic: 0.2097

p-value: 0.1312

Nonostante ci sia una certa differenza tra le due distribuzioni (indicata dalla statistica KS di 0.2097), il p-value di 0.131 suggerisce che questa differenza non è statisticamente significativa al livello di significatività di  $\alpha = 0,05$ .

In altri termini, non si può rifiutare l'ipotesi nulla secondo cui i due campioni provengono dalla stessa distribuzione con un livello di confidenza del 95%. È plausibile che le osservazioni provengano dalla stessa distribuzione, e la differenza osservata potrebbe essere dovuta semplicemente al caso o alla variabilità del campionamento.

### 6.1.5 Spiegazione delle differenze statistiche

Le discrepanze riscontrate tra i dati reali e i risultati della simulazione possono essere in parte spiegate dal contesto in cui i dati sono stati raccolti. Il periodo analizzato corrisponde infatti a una fase di incertezza nella gestione della pandemia, nella quale non era ancora chiaro come si dovesse agire e le strategie di contenimento erano in continua evoluzione. Tale incertezza si è inevitabilmente riflessa anche nella qualità dei dati disponibili. Un punto critico da evidenziare è che il numero di casi confermati è legato al numero di test eseguiti e alla celebrità della loro elaborazione, fattori che variavano notevolmente nelle prime fasi della pandemia. Ciò suggerisce che ci potrebbe essere stata una certa "reticenza" nella condivisione dei dati, almeno inizialmente e in alcuni casi ancora oggi. Inoltre, ci sono state anche delle limitazioni e delle potenziali problematiche nel processo di raccolta e presentazione dei dati, che potrebbero aver influenzato la reale curva e i reali dati della pandemia [16].

## 6.2 Confronto tra Dati Reali, Simulazione con Restrizioni e Simulazione Senza Restrizioni

Viene ora presentato un confronto più ampio che include anche la simulazione dello *Scenario 2* (cfr. Capitolo 4), in cui si ipotizza una diffusione incontrollata del virus SARS-CoV-2, ovvero in assenza di interventi governativi e misure di contenimento. Questo scenario è stato sviluppato con l'obiettivo di evidenziare il potenziale impatto delle restrizioni sulla dinamica dell'epidemia, accentuando l'andamento esponenziale tipico delle infezioni virali in condizioni non controllate.

### 6.2.1 Andamento Giornaliero dei Nuovi Casi Positivi

In Figura 6.3 è mostrato il confronto tra i nuovi casi giornalieri nei tre contesti considerati: i dati reali, la simulazione con restrizioni (*Scenario 1*) e la simulazione senza restrizioni (*Scenario 2*).

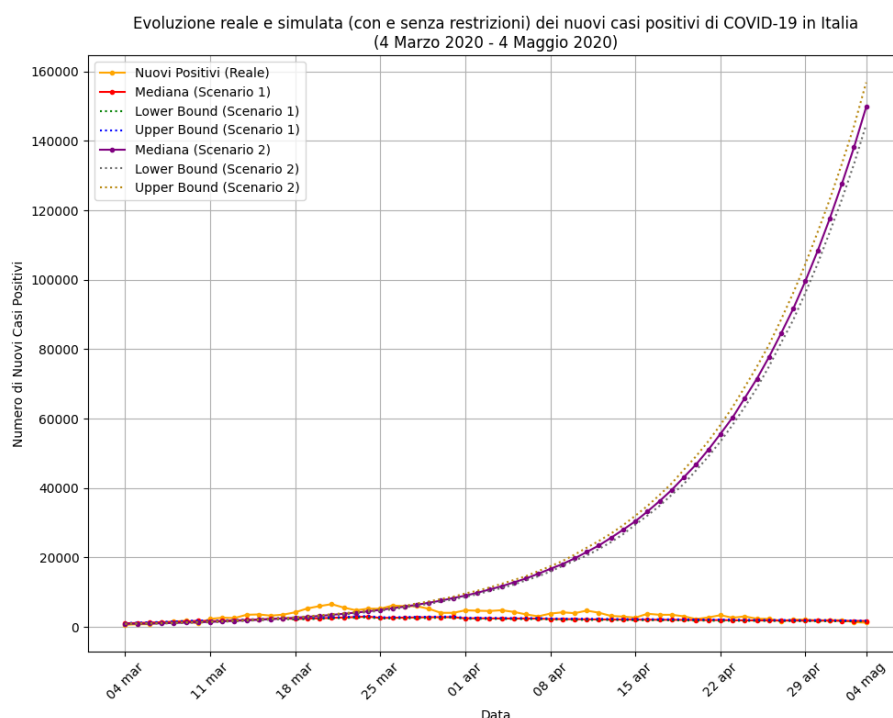


Figura 6.3: Evoluzione reale e simulata (con e senza restrizioni) dei nuovi casi positivi in Italia

Nella fase iniziale, tra il 4 e il 15 marzo circa, l'andamento dei nuovi contagi nello *Scenario 2* risulta ancora relativamente vicino sia ai dati reali che allo *Scenario 1*, con una crescita graduale osservabile in tutte le curve. Tale convergenza è attesa, in quanto le misure restrittive introdotte in Italia in quel periodo non avevano ancora avuto il tempo sufficiente per produrre effetti significativi sulla dinamica del contagio.

Tuttavia, a partire da metà marzo, si osserva una netta divergenza: la curva dello *Scenario 2* mostra una crescita esponenziale molto più rapida e priva di segnali di contenimento, superando i 150.000 nuovi casi giornalieri nel giro di poche settimane. Al contrario, i dati reali e la simulazione con restrizioni mostrano una tendenza alla decelerazione, con un picco notevolmente inferiore.

Lo *Scenario 2* indica che, senza interventi, l'Italia avrebbe affrontato una situazione epidemiologica catastrofica, con un numero di nuovi casi giornalieri ordini di grandezza superiori a quelli effettivamente registrati.

### 6.2.2 Evoluzione dei Casi Positivi Attivi

In Figura 6.4 è riportato il confronto tra l'andamento dei casi positivi attivi nei contesti analizzati: dati reali, simulazione con restrizioni (*Scenario 1*) e simulazione senza restrizioni (*Scenario 2*).

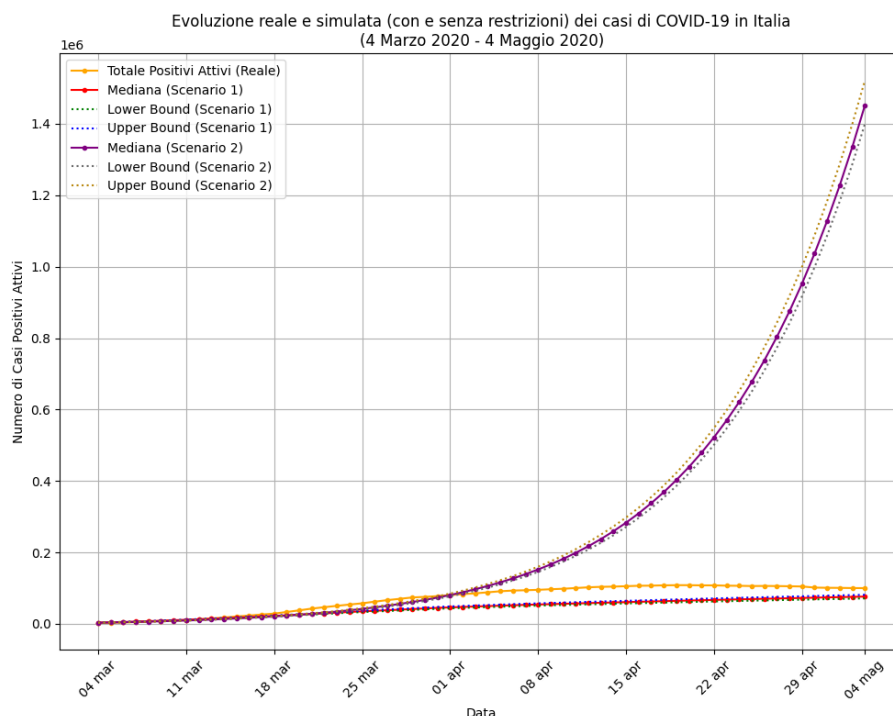


Figura 6.4: Evoluzione reale e simulata (con e senza restrizioni) dei casi positivi attivi in Italia

Come già osservato per i nuovi casi giornalieri, anche per i casi attivi si riscontra inizialmente una certa coerenza tra l'andamento reale e quello simulato nello *Scenario 2*. Nella prima fase dell'epidemia, infatti, le restrizioni non avevano ancora prodotto effetti significativi, e le curve risultano relativamente allineate, mostrando una crescita esponenziale.

A partire dalla seconda metà di marzo si manifesta una divergenza molto marcata tra i dati reali e lo *Scenario 2*: mentre nella realtà si osserva il raggiungimento di un picco, seguito da una graduale discesa, nella simulazione senza restrizioni la curva prosegue con un aumento costante e incontrollato, senza segni di rallentamento nel breve periodo.

Il fatto che nella realtà si sia raggiunto un picco e successivamente una fase di discesa indica chiaramente che il tasso di riproduzione effettivo ( $R_t$ ) è sceso sotto il valore critico di 1, probabilmente grazie alle misure restrittive adottate. Questo ha consentito un progressivo contenimento del contagio e la stabilizzazione del numero di individui infetti. Viceversa, nello *Scenario 2*, l'assenza di tale inversione di tendenza suggerisce che, senza interventi, l'epidemia sarebbe proseguita in modo esponenziale, aggravando progressivamente la situazione sanitaria.

### 6.2.3 Efficacia delle restrizioni

La simulazione dello *Scenario 2* conferma quanto evidenziato da studi precedenti [17], ovvero che il comportamento **esponenziale** del SARS-CoV-2 che, se non controllato e mitigato da mirate **restrizioni sanitarie** e **sociali**, porta a un esponenziale aumento dei contagiati, dei casi totali e, di conseguenza, di una crescente incontrollabilità della pandemia.

Va sottolineato che lo *Scenario 2* rappresenta un'ipotesi estrema e deliberatamente irrealistica: è improbabile che un Paese avrebbe potuto (o voluto) affrontare una pandemia senza alcun tipo di intervento. Tuttavia, questa simulazione ha un chiaro valore illustrativo, poiché consente di quantificare il ruolo delle restrizioni e dimostrare con evidenza numerica l'impatto positivo che esse hanno avuto nel contenere l'epidemia. In altre parole, mostra cosa sarebbe potuto accadere se si fosse sottovalutata la gravità della situazione o se le misure fossero state introdotte in ritardo o in modo inefficace.

## 7 Conclusioni

In questo capitolo conclusivo si ripercorre il lavoro svolto, traendone le dovute conclusioni. In particolare, si valuta la bontà del modello sviluppato, del software di simulazione utilizzato, ed eventuali integrazioni future a quanto elaborato fino ad ora.

### 7.1 Valutazione del Modello

Il modello SEIR implementato attraverso GLEAMviz si è rivelato uno strumento **efficace** per la simulazione della diffusione del SARS-CoV-2 in Italia durante la Fase 1 della pandemia. Pur nella sua semplicità strutturale, l'aggiunta di parametri realistici e aggiornati ha permesso di ottenere simulazioni capaci di riprodurre **fedelmente** – seppur con alcune discrepanze – l'andamento generale dell'epidemia.

Uno degli elementi più significativi emersi dall'analisi è stata la buona capacità del modello di replicare la forma della curva epidemica, in particolare nella fase discendente e di stabilizzazione. Come dimostrato dai coefficienti statistici, la simulazione ha saputo cogliere l'essenza dinamica dell'epidemia, anche se ha mostrato limiti nella stima del picco e nella quantificazione assoluta dei casi. Ma, dato che l'aspetto che realmente è significativo in queste simulazioni è l'andamento generale, il modello può considerarsi buono.

Per quanto concerne il secondo obiettivo di questo progetto, ovvero verificare cosa sarebbe successo senza introdurre alcune restrizioni (*Scenario 2*), può dirsi raggiunto e soddisfatto nelle aspettative. Rispetto all'epidemia reale e quella simulata nello *Scenario 1*, la curva ha un'evidente comportamento esponenziale e riassume perfettamente il maggior rischio che la popolazione, italiana e mondiale, avrebbe riscontrato senza interventi sanitari e sociali.

I detrattori delle restrizioni potrebbero sindacare che, prima o poi, anche questa curva sarebbe arrivata ad una fase di discesa. Dal punto di vista probabilistico è verosimile, ma se il *naturale decorso della pandemia fosse stato rispettato*, prima della diminuzione avremmo affrontato quello che questa simulazione ha evidenziato.

Il progetto può ritenersi in generale soddisfatto: gli obiettivi sono stati raggiunti, le eventuali discrepanze con la realtà sono state affrontate e spiegate, e il modello SEIR approvato per la simulazione del SARS-CoV-2.

## 7.2 Valutazione di GLEAMviz

L'utilizzo di GLEAMviz come ambiente di simulazione ha offerto un importante supporto per introdurre aspetti impensabili da un mero punto di vista matematico. Rispetto a un approccio SEIR tradizionale, GLEAMviz consente di integrare mobilità, geografia, comportamenti sociali e scenari personalizzabili, trasformando un modello deterministico in un **sistema complesso dinamico** più aderente alla realtà.

Uno dei punti di forza del simulatore è la capacità di gestire flussi di mobilità (pendolarismo, traffico aereo) e di intervenire dinamicamente sui parametri per riflettere le restrizioni e i cambiamenti in atto nella realtà. Inoltre, la possibilità di eseguire simulazioni multiple, calcolando mediane e intervalli di confidenza, ha fornito una **visione statistica robusta**, rendendo le conclusioni più affidabili.

Un ulteriore punto di forza è l'architettura *client-server*, che consente di elaborare i modelli da remoto, utilizzando una potenza computazionale non raggiungibile con computer middle-level.

Tuttavia, GLEAMviz presenta alcune limitazioni che abbiamo riscontrato nel suo utilizzo: la curva di apprendimento è significativa, presenta possibilità di personalizzazione avanzate senza tuttavia presentare guide esaustive, inoltre la community online è molto limitata e non sono disponibili molti altri lavori svolti con questo software.

Limitatamente all'utilizzo fatto in questo progetto, è risultato comunque un software potente e capace di una simulazione solida che sicuramente, se esplorato anche nelle sue componenti più elaborate, è in grado di simulare qualsiasi modello SEIR e derivati.

## 7.3 Lavori futuri

Il lavoro svolto in questo progetto rappresenta un primo passo verso l'impiego di modelli complessi per la previsione e la gestione delle epidemie come è stata quella da SARS-CoV-2. Il progetto potrebbe quindi essere esteso:

- espandendo il modello SEIR, introducendo ulteriori compartimenti che specializzino il compartimento degli infetti suddividendoli, ad esempio, in asintomatici, ospedalizzati, terapia intensiva, deceduti;
- estendendo il modello a periodi successivi, ad esempio a quello che ha introdotto la vaccinazione su larga scala, per effettuare un'analisi simile a quella svolta in questo progetto, tra la reale diffusione dei SARS-CoV-2 durante le vaccinazioni e una simulazione senza vaccinazioni;
- integrare la variabilità comportamentale della popolazione, come la disomogeneità nell'osservanza delle restrizioni, rappresenterebbe un passo verso una simulazione ancora più realistica.



In sintesi, il modello proposto, benché semplice nella sua struttura, ha dimostrato **la validità di un approccio computazionale alla comprensione del fenomeno pandemico del SARS-CoV-2** e la capacità di **confronto tra realtà e simulazione**. L'evoluzione di questo lavoro, arricchita da dati sempre più precisi e modelli sempre più sofisticati, rappresenterebbe un miglioramento del lavoro che questo progetto ha portato a termine positivamente, rispettando gli obiettivi prefissati.

# Bibliografia

- [1] A. Bicchi, *Teoria del Controllo*, ultimo accesso: 2025-06-20, 2009. indirizzo: <https://www.centropiaggio.unipi.it/sites/default/files/Teoria-del-controllo.pdf>.
- [2] W. V. den Broeck, C. Gioannini, B. Gonçalves, M. Quaggiotto, V. Colizza e A. Vespignani, "The GLEaMviz computational tool, a publicly available software to explore realistic epidemic spreading scenarios at the global scale," *BMC Infectious Diseases*, vol. 11, n. 1, p. 37, 2 feb. 2011, ISSN: 1471-2334. DOI: 10.1186/1471-2334-11-37. indirizzo: <https://doi.org/10.1186/1471-2334-11-37>.
- [3] D. e. a. Wu, "Effective public health measures to mitigate the spread of COVID-19: a systematic review," *The SARS-CoV-2 outbreak: What we know*, 2020. DOI: 10.1016/j.ijid.2020.03.004. indirizzo: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32171952/>.
- [4] INFN CovidStat. "Andamento dell'indice Rt." Ultimo accesso: 5 giugno 2025, Istituto Nazionale di Fisica Nucleare. (2020), indirizzo: <https://covid19.infn.it/sommario/rt-info.html>.
- [5] A. Cori, N. M. Ferguson, C. Fraser e S. Cauchemez, "A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics," *American Journal of Epidemiology*, vol. 178, n. 9, pp. 1505–1512, set. 2013, ISSN: 0002-9262. DOI: 10.1093/aje/kwt133. eprint: <https://academic.oup.com/aje/article-pdf/178/9/1505/17341195/kwt133.pdf>. indirizzo: <https://doi.org/10.1093/aje/kwt133>.
- [6] C. Cheng, D. Zhang, D. Dang et al., "The incubation period of COVID-19: a global meta-analysis of 53 studies and a Chinese observation study of 11 545 patients," *Infectious Diseases of Poverty*, vol. 10, n. 1, p. 119, 17 set. 2021. DOI: 10.1186/s40249-021-00901-9. indirizzo: <https://doi.org/10.1186/s40249-021-00901-9>.
- [7] P. K. e. a. Drain, "Duration of viral infectiousness and correlation with symptoms and diagnostic testing in non-hospitalized adults during acute SARS-CoV-2 infection: A longitudinal cohort study," *Journal of clinical virology : the official publication of the Pan American Society for Clinical Virology*, 2023. DOI: 10.1016/j.jcv.2023.105420. indirizzo: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9981266/>.

- [8] Z. Farkas, T. Engelhardt, E. Országh, M. Süth, S. Csorba e Á. Józwiak, “Modelling of the Hungarian spread of COVID-19 and control strategies with risk-based approach,” *Research Square*, 2020. DOI: 10.21203/rs.3.rs-117430/v1. indirizzo: <https://europepmc.org/article/PPR/PPR253355>.
- [9] “L’orario di lavoro durante la pandemia,” *Economia e Politica: rivista online di critica della politica economica*. (2021), indirizzo: <https://www.economiaepolitica.it/indagini/lorario-di-lavoro-durante-la-pandemia/>.
- [10] “Il crollo del traffico aereo causato dal Covid,” *YouTrend*. (2020), indirizzo: <https://www.youtrend.it/2020/11/29/trasporto-aereo-italia-2020-dati-asseroporti/>.
- [11] “L’inquinamento in Italia durante il lockdown,” *Consiglio Nazionale delle Ricerche*. (2020), indirizzo: <https://www.cnr.it/it/comunicato-stampa/9702/1-inquinamento-in-italia-durante-il-lockdown#:~:text=A%20seguito%20del%20lockdown%20si,mediamente%20del%2048%2D60%25..>
- [12] C. K. Yinda, J. R. Port, T. Bushmaker et al., “Airborne transmission efficiency of SARS-CoV-2 in Syrian hamsters is not influenced by environmental conditions,” *npj Viruses*, 9 gen. 2024, ISSN: 2948-1767. DOI: 10.1038/s44298-023-00011-3. indirizzo: <https://doi.org/10.1038/s44298-023-00011-3>.
- [13] “DECRETO DEL PRESIDENTE DEL CONSIGLIO DEI MINISTRI 9 marzo 2020.” Ultimo accesso: 20 giugno 2025, *Gazzetta Ufficiale della Repubblica Italiana*. (2020), indirizzo: <https://www.gazzettaufficiale.it/eli/id/2020/03/09/20A01558/s>.
- [14] “Dati COVID-19 Italia,” *Protezione Civile - Presidenza del Consiglio dei Ministri Dipartimento della Protezione Civile*. (), indirizzo: <https://github.com/pcm-dpc/COVID-19>.
- [15] M. Gatto, E. Bertuzzo, L. Mari et al., “Spread and dynamics of the COVID-19 epidemic in Italy: Effects of emergency containment measures,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 117, n. 19, pp. 10 484–10 491, 2020. DOI: 10.1073/pnas.2004978117. eprint: <https://www.pnas.org/doi/pdf/10.1073/pnas.2004978117>. indirizzo: <https://www.pnas.org/doi/abs/10.1073/pnas.2004978117>.
- [16] A. Z. “Giorgio Alleva, *Covid-19: advocating clear information*,” Ultimo accesso: 2025-06-18, 2018. indirizzo: [https://memotef.web.uniroma1.it/sites/default/files/Alleva\\_Zuliani\\_Bancaria.pdf](https://memotef.web.uniroma1.it/sites/default/files/Alleva_Zuliani_Bancaria.pdf).
- [17] I. Ayouni, J. Maatoug, W. Dhouib, S. Ghammoudi, H. Smaoui e A. Masmoudi, “Effective public health measures to mitigate the spread of COVID-19: a systematic review,” *BMC Public Health*, vol. 21, n. 1, p. 1015, 2021. DOI: 10.1186/s12889-021-11111-1. indirizzo: <https://bmcpublichealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12889-021-11111-1>.