

Epidemia ed endemia: il modello SEIRS

Etan Fiorentino, Michela Galasso

April 2023

Indice

| | |
|--|-----------|
| Introduzione | 2 |
| 1 Il modello SIR | 4 |
| 2 Il modello SEIRS | 11 |
| 2.1 Costruzione del modello | 11 |
| 2.2 Studio analitico del modello | 13 |
| 3 Stabilità numerica | 23 |
| 3.1 Il metodo | 23 |
| 3.2 Test numerici ridotti | 25 |
| 3.3 Test numerici completi | 33 |
| 4 Conclusioni | 40 |
| A Modello_SEIRS | 41 |

Introduzione

Tra i modelli matematici più utilizzati, soprattutto in era moderna, è impossibile non citare quelli epidemiologici. Come dice il nome stesso, questi particolari modelli hanno lo scopo di descrivere la diffusione di una malattia all'interno di una popolazione mediante l'utilizzo di equazioni differenziali ordinarie. I principali motivi per voler svolgere un tale studio sono poter prevedere la diffusione di un qualche virus all'interno della popolazione, comprendere l'impatto di eventuali misure di prevenzione e monitorare le variazioni dei tassi di natalità e di mortalità della popolazione. Chiaramente, trattandosi di equazioni differenziali, il modello non descrive esclusivamente le dinamiche di un'epidemia: altre situazioni con un comportamento di diffusione possono essere interpretate tramite questi sistemi, come ad esempio la propagazione di una notizia.

Storicamente i più antichi studi epidemiologici risalgono al XVII secolo [8], anche se i primi modelli matematici possono essere attribuiti a Daniel Bernoulli, che pubblicò *"Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole, & des avantages de l'inoculation pour la prévenir"* nel 1766 [1]. Nonostante questo, il vero progresso in questo campo arrivò molto più tardi, ovvero negli anni '20 del '900, quando vennero introdotti i modelli compartmentali che analizzano la popolazione dividendola, appunto, in compartimenti. In particolare il modello che venne sviluppato in questi anni e che divenne la base per quasi tutti quelli che gli successero, è il cosiddetto modello SIR, o modello Kermack-McKendrick, presentato da Ogilvy Kermack e Anderson Gray McKendrick nella loro pubblicazione *"A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics"* del 1927 [15]. Le dinamiche prese in considerazione per il modello vengono schematizzate tramite equazioni differenziali, che vengono poi studiate per trovare gli equilibri del sistema.

La scritta SIR non è ovviamente casuale, ma è definita dai compartimenti inseriti nello studio, ovvero Suscettibili, Infetti e Recuperati. Come abbiamo detto, questo modello fa da base a tanti altri e la maggior parte di questi si distingue proprio per la differente scelta dei compartimenti inseriti nelle dinamiche. Nel presente elaborato ci impegniamo a descrivere una situazione complessa, nella quale sarà inserito un nuovo compartimento indicato con E e che sarà caratterizzata dalla presenza di ciclicità nella dinamica. Il modello prenderà il nome di modello SEIRS e il nostro obiettivo sarà quello di dare una scrittura estremamente generica del sistema che lo descrive, cercando poi di studiarne eventuali equilibri.

Nel primo capitolo costruiremo il modello di Kermack e McKendrick a partire dalla struttura compartmentale e poi lo studieremo nei dettagli. In particolare vedremo come costruire il sistema e cosa rappresentano i vari

coefficienti utilizzati, per poi andare a studiare i suoi punti di equilibrio e la loro natura.

All'interno del secondo capitolo descriveremo le dinamiche che vogliamo schematizzare con il nostro sistema di equazioni e costruiremo il modello SEIRS in una forma estremamente generica, spiegandone la validità. In seguito ci occuperemo di studiare analiticamente il sistema in una situazione semplificata, in quanto sarebbe troppo complicato studiarlo nella sua forma originale, andando a trovare e classificare i suoi punti di equilibrio.

Nell'ultima sezione sfrutteremo l'analisi numerica per raggiungere delle conclusioni interessanti riguardo il modello SEIRS nella sua forma più generica, senza quindi dover passare per un difficoltoso studio analitico. A supporto dei nostri discorsi presenteremo contestualmente numerosi test numerici effettuati mediante gli algoritmi riportati in appendice. Chiaramente lo scopo di quest'ultimo capitolo sarà comunque di trovare delle situazioni di equilibrio del sistema e dei comportamenti ricorrenti delle dinamiche al variare dei parametri in gioco.

1 Il modello SIR

Per poter comprendere fino in fondo i modelli epidemiologici e le loro costruzioni, come spesso accade per i modelli matematici, è necessario analizzare dapprima dei casi molto semplici e al contempo esplicativi. Evitando di trattare situazioni eccessivamente banali e molto poco rilevanti (come ad esempio il modello SI [4]), andremo a studiare il modello SIR [4, 12, 15], base di partenza per la costruzione e comprensione della maggior parte dei modelli epidemiologici.

Prima di tutto spieghiamo cosa indica il nome. I modelli che analizzeremo avranno una struttura compartimentale e, a seconda dell’interazione tra i vari compartimenti, viene assegnato il nome al sistema. Nel caso in questione i compartimenti sono tre:

- S : i **suscettibili** sono gli individui che possono contrarre la malattia in analisi;
- I : gli **infetti** sono gli individui che hanno contratto la malattia e ne sono ancora affetti;
- R : i **recuperati** sono gli individui che hanno contratto la malattia, sono guariti e non sono più suscettibili.

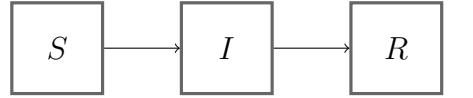
Oltre ai compartimenti appena elencati, come avremo occasione di vedere in seguito, si possono considerare numerose nuove classi di appartenenza, a seconda delle proprie esigenze. Ad esempio, in alcuni casi, può essere utile introdurre i portatori sani o i malati asintomatici.

Per poter scrivere un sistema bisogna fare delle assunzioni di partenza e stabilire quale sarà il comportamento dei vari gruppi. Nel caso del modello SIR che stiamo per analizzare, le ipotesi sono le seguenti:

- il modello si occupa di un’epidemia, pertanto la malattia sarà abbastanza breve da poter ignorare le nascite e le morti all’interno della popolazione;
- gli individui sono omogenei, ovvero non si considerano differenze in caratteristiche come sesso o età;
- inizialmente tutti gli individui sono suscettibili e viene introdotto un singolo infetto;
- i suscettibili si infettano in modo direttamente proporzionale al numero di incontri con gli infetti;

- gli infetti, dopo un periodo in cui restano malati, guariscono e non possono contrarre nuovamente la malattia;
- non vengono prese misure di prevenzione (ad esempio vaccinazioni, lockdown o adozione di dispositivi di protezione).

Possiamo rappresentare quanto appena detto in maniera schematica:



Appare quindi evidente perché il modello prenda questo nome.

Prima di procedere facciamo un'osservazione che ci permetterà di semplificare moltissimo lo studio del sistema che creeremo. Per quanto appena detto, trattandosi di modello SIR in forma epidemica, possiamo assumere che la popolazione totale si mantenga costante durante tutto lo studio, pertanto, detta **N** la **popolazione totale** e indicando con $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ e $N(t)$ le popolazioni relative ai vari compartimenti al tempo t , introduciamo le tre densità

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

che useremo da qui in avanti al posto delle tre popolazioni. Così facendo, considerando $N(t) = N \quad \forall t \in \mathbb{R}^+$, avremo un integrale primo semplice da usare, ovvero

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1 \quad \forall t \in \mathbb{R}^+ .$$

Introduciamo adesso delle grandezze significative:

- R_0 (**numero di riproduzione del contagio**); è la media delle infezioni secondarie prodotte da un infetto in una popolazione di suscettibili;
- R_T (**numero di riproduzione**); è il numero medio di infezioni secondarie prodotte da un infetto durante tutto il periodo dell'infezione;
- σ (**numero di contatto**); è il numero medio di contatti sufficienti per la trasmissione del virus da un infetto ad un suscettibile.

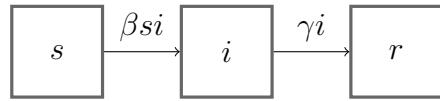
Varrà quindi la relazione $R_T \leq \sigma \leq R_0$. Osserviamo inoltre che quando $R_0 > 1$, la malattia si diffonde e può invadere la popolazione dei suscettibili. Per come sono stati definiti questi tre parametri, possiamo affermare che, all'inizio dell'epidemia, vale l'uguaglianza $R_T = \sigma = R_0$. Notiamo che tutti i parametri che verranno utilizzati nella descrizione dei vari sistemi trattati all'interno dell'elaborato saranno non negativi.

Il significato di R_0 risulta forse più chiaro scrivendolo nella seguente forma:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma},$$

dove con β indichiamo il **tasso di trasmissione** della malattia e con γ il **tasso di guarigione** degli infetti. Questo risultato deriva dal voler calcolare R_0 come il prodotto tra il tasso di contagio e la durata media dell'infezione, pari proprio a γ^{-1} .

A questo punto conosciamo le dinamiche di svolgimento dell'epidemia e abbiamo definito tutti i coefficienti necessari per scrivere il sistema SIR. Pertanto lo schema di riferimento diventa



e sarà espresso in forma differenziale come

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta si \\ \dot{i} = \beta si - \gamma i \\ \dot{r} = \gamma i \end{cases},$$

dove \dot{s} , \dot{i} e \dot{r} rappresentano le variazioni delle rispettive densità. Associando a queste equazioni le condizioni iniziali $s(0) = s_0$, $i(0) = i_0$ e $r(0) = r_0$, otteniamo un problema di Cauchy, al quale possiamo aggiungere la condizione $s + i + r = 1$.

Teorema 1.1 ([12]). *Dato il sistema*

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta si \\ \dot{i} = \beta si - \gamma i \\ \dot{r} = \gamma i \\ s(0) = s_0 > 0 \\ i(0) = i_0 > 0 \\ r(0) = r_0 = 0 \\ s_0 + i_0 = 1 \end{cases},$$

la sua soluzione (s, i, r) è tale che s è decrescente, r è crescente e

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} s(t) = \bar{s} \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} i(t) = 0 \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} r(t) = 1 - \bar{s} \quad ,$$

con \bar{s} unica soluzione positiva compresa in $(0, \frac{1}{R_0})$ dell'equazione

$$\bar{s} - \frac{1}{R_0} \ln\left(\frac{\bar{s}}{s_0}\right) = 1 .$$

Inoltre vale che

- se $R_0 \leq 1$ o $R_0 > 1$ e $s_0 \leq \frac{1}{R_0}$, allora $i(t)$ è decrescente in $(0, +\infty)$;
- se $R_0 > 1$ e $s_0 > \frac{1}{R_0}$, allora esiste \tilde{t} tale che $i(t)$ è crescente per $t \in [0, \tilde{t}]$ e decrescente per $t \in (\tilde{t}, +\infty)$.

Dimostrazione. La monotonia delle funzioni s e r risulta evidente dalle equazioni che descrivono il sistema stesso.

Posto $s_0 + i_0 + r_0 = 1$, osservando che $\dot{s} + \dot{i} + \dot{r} = 0$, la somma delle densità si manterrà costantemente pari a 1, come precedentemente affermato. Tale condizione permette di calcolare la densità r senza dover passare dal sistema differenziale, ma banalmente tramite la formula inversa

$$r(t) = 1 - s(t) - i(t) .$$

L'indipendenza delle equazioni di s e i dalla variabile r , permette di riportare essenzialmente lo studio del sistema da tridimensionale a bidimensionale risolvendo il sottoproblema

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta s i \\ \dot{i} = \beta s i - \gamma i \\ s(0) = s_0 \\ i(0) = i_0 \end{cases} .$$

In questa forma ha senso immaginare che una delle due variabili possa essere scritta in funzione dell'altra. Supponiamo quindi di avere $i(t) = \varphi(s(t))$. Così facendo si ottiene, tramite la formula delle derivate di funzioni composte, l'uguaglianza

$$\dot{i} = \frac{di}{dt} = \frac{d\varphi}{ds} \frac{ds}{dt} = \frac{d\varphi}{ds} \dot{s} .$$

A questo punto conoscere la funzione φ diventa il nuovo obiettivo, in quanto significherebbe conoscere esplicitamente la densità degli infetti. A partire dalla formula inversa ricavabile dall'ultima espressione, procediamo nel seguente modo:

$$\frac{d\varphi}{ds} = \frac{\dot{i}}{\dot{s}} = -\frac{\beta s i - \gamma i}{\beta s i} = -1 + \frac{\gamma}{\beta} \frac{1}{s} .$$

Possiamo riconoscere nel rapporto $\frac{\gamma}{\beta}$ il valore di R_0^{-1} , che andremo a sostituire all'interno dell'espressione. Andiamo quindi ad integrare rispetto alla variabile s ciò che abbiamo appena ottenuto.

$$i = \varphi(s) = i_0 + \int_{s_0}^s \left(-1 + \frac{1}{R_0} \frac{1}{z} \right) dz = i_0 - s + s_0 + \frac{1}{R_0} (\ln(s) - \ln(s_0)) ,$$

da cui, imponendo $s_0 + i_0 = 1$, si arriva a

$$i = \varphi(s) = 1 - s + \frac{1}{R_0} \ln\left(\frac{s}{s_0}\right) .$$

Osserviamo che la funzione $\varphi(s)$ è ben definita per $s \in (0, +\infty)$ e che valgono i seguenti limiti:

$$\lim_{s \rightarrow 0^+} \varphi(s) = -\infty \quad \lim_{s \rightarrow +\infty} \varphi(s) = -\infty ,$$

pertanto $\varphi(s)$ dovrà avere una fase iniziale crescente ed una finale decrescente. Proseguiamo l'analisi della funzione andando a studiare le derivate. Derivando in s la formula di $\frac{d\varphi}{ds}$ si ottiene

$$\varphi'(s) = -1 + \frac{1}{R_0} \frac{1}{s} \quad \varphi''(s) = -\frac{1}{R_0} \frac{1}{s^2} .$$

La derivata seconda è sempre negativa, pertanto la funzione è concava. Al contrario, la derivata prima indica un punto di equilibrio in $s = \frac{1}{R_0}$, con $\varphi(s)$ che sarà crescente in $(0, \frac{1}{R_0})$ e decrescente in $(\frac{1}{R_0}, +\infty)$. Arrivati a questo punto è necessario imporre il vincolo di grandezza su s , ovvero $s \leq 1$, e tenere a mente che s è una funzione decrescente. In questo modo il valore di R_0 diventa determinante.

Supponiamo ad esempio $R_0 \leq 1$: così facendo risulterà $[0, 1] \subseteq [0, \frac{1}{R_0}]$ e quindi $\varphi(s)$ è una funzione crescente all'aumentare di s , ma considerando che s sta diminuendo, otteniamo che anche i sta decrescendo. Cerchiamo quindi eventuali punti di equilibrio nel caso $R_0 \leq 1$. Questi saranno necessariamente nella forma $(\bar{s}, 0)$, ovvero dovranno valere i limiti

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} s(t) = \bar{s} \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} i(t) = 0 .$$

Per ricavare \bar{s} passiamo proprio dal secondo limite:

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} i(t) = \lim_{t \rightarrow +\infty} 1 - s(t) + \frac{1}{R_0} \ln\left(\frac{s(t)}{s_0}\right) = 1 - \bar{s} + \frac{1}{R_0} \ln\left(\frac{\bar{s}}{s_0}\right) = 0 .$$

Definendo $\psi(s) = s - \frac{1}{R_0} \ln(\frac{s}{s_0})$, vogliamo trovare \bar{s} tale che $\psi(\bar{s}) = 1$. Iniziamo nuovamente osservando il comportamento ai limiti:

$$\lim_{s \rightarrow 0^+} \psi(s) = \lim_{s \rightarrow +\infty} \psi(s) = +\infty$$

e considerando che $\psi : (0, +\infty) \rightarrow \mathbb{R}$ è convessa con minimo in $s = \frac{1}{R_0}$ (le derivate corrispondono a quelle di $-\varphi(s)$), potremo sfruttare il teorema dei valori intermedi per individuare \bar{s} . Infatti $\psi(\frac{1}{R_0}) < 1$, poiché $R_0 \leq 1$ e $s_0 < 1$, e quindi esisteranno due valori di s per i quali ψ assumerà valore 1. Il più grande dei due è maggiore di 1, impossibile per le restrizioni imposte su s , pertanto il minore sarà proprio \bar{s} .

Analizziamo ora il caso $R_0 > 1$. In questa circostanza esistono due eventualità dipendenti da s_0 : $s_0 \leq \frac{1}{R_0}$ e $s_0 > \frac{1}{R_0}$. Nel primo caso la situazione è del tutto analoga al caso $R_0 \leq 1$, in quanto varrà sempre $s < \frac{1}{R_0}$. Nel secondo caso, essendo i decrescente in $(\frac{1}{R_0}, +\infty)$ e s in diminuzione, esisterà un tempo \tilde{t} tale che $i(t)$ è crescente per $t \in [0, \tilde{t}]$ e decrescente per $t > \tilde{t}$. In questo modo $i(t) \rightarrow 0$ per $t \rightarrow +\infty$.

□

Nonostante entrambe le situazioni descritte per $R_0 > 1$ siano matematicamente corrette, nell'ambito degli studi epidemici si considera solitamente i_0 prossimo a 0, e conseguentemente s_0 prossimo a 1, rendendo il secondo caso analizzato più frequente rispetto al primo.

Vale la pena sottolineare come, per $R_0 > 1$ e $s_0 > \frac{1}{R_0}$, la densità degli infetti raggiunga un valore massimo calcolabile tramite la formula

$$i_{max} = \max_{t \geq 0} i(t) = 1 - \frac{1 + \ln(R_0 s_0)}{R_0} .$$

Terminiamo la sezione riportando per completezza due importanti proprietà del sistema date fin qui per scontate. Il problema è chiaramente ben posto, in quanto tutti i termini sono polinomiali e quindi derivabili infinite volte. Verifichiamo che valga la proprietà di positività, ovvero che la dinamica si svolga interamente nel quadrante positivo. Per farlo considereremo solamente le equazioni di suscettibili e infetti. Vogliamo quindi che $\Sigma = \{(s, i) | s, i \geq 0\}$ sia un insieme invariante, ovvero se $(s_0, i_0) \in \Sigma$ allora $(s(t), i(t)) \in \Sigma \quad \forall t \in \mathbb{R}^+$. Per verificare questa condizione occorre studiare il comportamento del campo sul bordo $\partial\Sigma$: qualora il prodotto scalare tra il campo valutato sul bordo e il vettore normale uscente da Σ risultasse non positivo, la regione sarebbe invariante. Procediamo dividendo il bordo nelle semirette

$$\partial\Sigma_1 = \{(s, i) | s = 0, i > 0\} \quad \partial\Sigma_2 = \{(s, i) | s > 0, i = 0\} ,$$

e i relativi vettori normali sono

$$n_1 = (-1, 0) \quad n_2 = (0, -1) .$$

Il campo valutato sui bordi è

$$f|_{\partial\Sigma_1} = (0, -\gamma i) \quad f|_{\partial\Sigma_2} = (0, 0) ,$$

pertanto entrambi i prodotti $f|_{\partial\Sigma_1} \cdot n_1$ e $f|_{\partial\Sigma_2} \cdot n_2$ saranno nulli, dimostrando così la positività: infatti possiamo affermare che anche i recuperati rimarranno positivi, in quanto possono essere rappresentati alternativamente tramite la formula

$$r(t) = r_0 + \gamma \int_0^t i(\tau) d\tau ,$$

che, grazie alla positività di i , indica sempre una quantità positiva o nulla.

2 Il modello SEIRS

Il modello SIR come lo abbiamo appena visto, nonostante le molte semplificazioni applicate come ipotesi, risulta essere un modello sufficientemente preciso per prevedere l'andamento di epidemie poco mortali. Nei casi di malattie più temibili si può ancora fare affidamento sulla sua forma endemica. Al contrario, per malattie più estese come durata all'interno della popolazione, ovvero nel caso di endemie, questo modello perde affidabilità. Infatti possiamo già osservare a priori come l'assenza di ciclicità nelle dinamiche considerate sia troppo in contraddizione con la maggior parte degli andamenti di endemie. Nello specifico, un singolo individuo analizzato dal modello SIR ha due possibilità: rimanere suscettibile durante tutta l'epidemia o ammalarsi ed entrare nella classe dei recuperati. Mentre per epidemie come le pesti può essere sufficiente introdurre dei tassi di mortalità nel sistema, ottenendo un risultato soddisfacente, per le endemie è difficile pensare che sul lungo periodo la popolazione dei recuperati non torni ad essere suscettibile. Chiaramente esistono dei casi, come ad esempio la varicella, dove succede quanto appena descritto. Tuttavia il nostro scopo deve essere quello di creare un modello il più generico possibile e che possa essere al limite semplificato per alcuni casi specifici. Proprio con l'obiettivo di scrivere un sistema generico, andiamo ad introdurre nel prossimo modello un nuovo compartimento di individui e delle nuove dinamiche intercompartmentali, inserendo al contempo nascite e morti nella popolazione.

2.1 Costruzione del modello

Iniziamo definendo la nuova classe che utilizzeremo per il nuovo modello:

- E : gli **esposti** sono gli individui che hanno contratto la malattia ma non sono ancora contagiosi.

Con questo nuovo compartimento abbiamo introdotto quindi un passaggio intermedio tra l'essere suscettibili e l'essere infetti, pertanto allo stesso modo in cui prima gli elementi di S entravano in I , adesso entreranno in E . Al contempo gli esposti diventeranno infetti dopo un periodo di giacenza, che a livello matematico rappresenteremo con un coefficiente $\varepsilon \geq 0$. La guarigione degli infetti avverrà esattamente come nel modello SIR. Infine conferiamo al modello la ciclicità necessaria di cui abbiamo parlato in precedenza. Per farlo supponiamo quindi che, dopo un periodo di immunità, i recuperati tornino suscettibili con un tasso $\alpha \geq 0$.

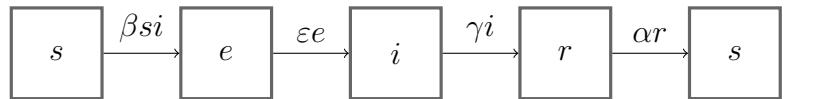
Considerando che in seguito inseriremo dei tassi di natalità e mortalità per ogni compartimento, possiamo iniziare ad eliminare l'ipotesi del modello

SIR che la popolazione si mantenga costante. Così facendo, per poter mantenere la notazione delle densità, sicuramente più leggera, avremo bisogno di ridefinirle non più come rapporto sul numero totale di individui, bensì come rapporto sulla superficie su cui viene svolto lo studio. Abbiamo quindi trasformato le densità in densità territoriali. In linea con quanto appena detto, definiamo la densità di E :

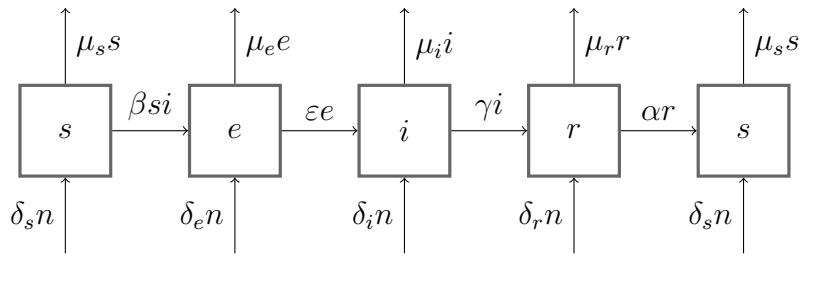
$$e(t) = \frac{E(t)}{\text{superficie di studio}} .$$

Sottolineiamo come questa scelta implichi l'assenza dell'integrale primo utilizzato a più riprese nello studio del modello SIR.

A questo punto, il modello che viene fuori dalle dinamiche appena definite viene denominato modello SEIRS [2, 3] ed ha il seguente schema di riferimento:



Essendoci preposti l'obiettivo di realizzare un modello il più generale possibile, osserviamo che, mentre uno schema epidemico non è utilizzabile senza modifiche per le endemie, il viceversa è possibile. Pertanto procediamo con la costruzione del modello nella sua forma endemica, ovvero introducendo per ogni compartimento un tasso di natalità e uno di mortalità. Detti quindi δ_s , μ_s , δ_e , μ_e , δ_i , μ_i , δ_r e μ_r rispettivamente i tassi di natalità e di mortalità dei vari compartimenti, come sempre tutti non negativi, il nuovo schema di riferimento dell'endemia è il seguente:



dove con n indichiamo la somma $(s + e + i + r)$. A questo punto siamo in grado di scrivere il sistema SEIRS associato allo schema:

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta si + \alpha r + \delta_s(s + e + i + r) - \mu_s s \\ \dot{e} = \beta si - \varepsilon e + \delta_e(s + e + i + r) - \mu_e e \\ \dot{i} = \varepsilon e - \gamma i + \delta_i(s + e + i + r) - \mu_i i \\ \dot{r} = \gamma i - \alpha r + \delta_r(s + e + i + r) - \mu_r r \end{cases} \quad (1)$$

Evidenziamo fin da subito come questo sistema accetti la possibilità che i neonati possano appartenere ad una qualunque delle categorie, con probabilità dipendente dai coefficienti di nascita. Chiaramente uno scenario del genere non è applicabile in moltissimi casi, tuttavia per studiare situazioni specifiche sarà sufficiente azzerare i tassi di natalità di una o più classi. Per fare un esempio pratico, l'influenza è una malattia endemica perfettamente rappresentabile tramite il modello SEIRS, in quanto i suscettibili si ammalano e dopo qualche giorno iniziano ad essere contagiosi, per poi guarire e rimanere immuni solo per un breve periodo. In questo caso però, sappiamo che i neonati non nascono con l'influenza e non ne sono immuni. Pertanto, per poter applicare a dovere il sistema, sarà necessario azzerare i tassi di natalità di esposti, infetti e recuperati.

Osserviamo infine che l'esistenza e l'unicità locale della soluzione del problema di Cauchy associato al sistema di dati iniziali $s_0, e_0, i_0, r_0 \geq 0$, sono garantite, in quanto tutti i termini che compaiono nelle equazioni sono polinomiali e quindi derivabili infinite volte.

2.2 Studio analitico del modello

Il modello generico costruito nella precedente sezione è complesso e studiarlo dal punto di vista analitico può rivelarsi un'operazione molto lunga e articolata. Tuttavia possiamo rendere questo processo più leggero, mantenendone la validità matematica. Infatti andremo a studiare dei casi specifici per i quali il sistema presenta delle caratteristiche che agevolano notevolmente i passaggi. C'è bisogno quindi di fare alcune assunzioni per passare ad un modello approcciabile in maniera più semplice. Si suppone che:

- il tasso di mortalità sia una costante, uguale per tutti i compartimenti, che indicheremo con μ ;
- la popolazione totale si mantenga costante. Osserviamo che, contrariamente a quanto affermato nella fase di costruzione del modello SEIRS generico, questa ipotesi ci permette di considerare nuovamente le densità calcolate sulla popolazione totale e non più come territoriali. Possiamo quindi scrivere questa condizione parallelamente a quanto fatto per il modello SIR, ovvero $s + e + i + r = 1$;
- i nuovi nati appartengano tutti alla classe dei suscettibili. Questo si traduce nell'imporre $\delta_e, \delta_i, \delta_r = 0$. Unendo questa ipotesi alle precedenti condizioni su mortalità e popolazione totale, otteniamo l'identità $\delta_s = \mu$.

Aver reintrodotto un integrale primo ci fornirà una condizione aggiuntiva utilissima. Il sistema da tenere in considerazione diventa quindi il seguente:

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta is + \alpha r + \mu - \mu s; \\ \dot{e} = \beta is - \varepsilon e - \mu e \\ \dot{i} = \varepsilon e - \gamma i - \mu i \\ \dot{r} = \gamma i - \alpha r - \mu r \\ s + e + i + r = 1 \end{cases}.$$

Con argomentazione analoga a quella data per il modello più generale, l'esistenza e l'unicità della soluzione del problema di Cauchy associato, sono garantite per tutti i tempi $t \geq 0$. Bisogna inoltre sottolineare come s, e, i ed r rappresentino delle popolazioni, quindi dovranno sempre essere quantità non negative. Questo significa che, partendo da dati iniziali s_0, e_0, i_0 e r_0 non negativi, le variabili devono restare non negative per ogni tempo positivo in cui sono definite. Come fatto per il SIR, è quindi necessario assicurarsi che la regione di spazio

$$\Sigma := \{(s, e, i, r) | s, e, i, r \geq 0\}$$

sia positivamente invariante. Dall'equazione per \dot{r} ricaviamo la formula esplicita per $r(t)$

$$r(t) = r_0 e^{-(\alpha+\mu)t} + \gamma \int_0^t e^{-(\alpha+\mu)(t-s)} i(s) ds ,$$

dalla quale si deduce che, qualora i sia non negativo, allora lo stesso varrà per r . Pertanto basta dimostrare l'invarianza della regione

$$\Sigma = \{(s, e, i) | s, e, i \geq 0\}.$$

Valutiamo quindi il prodotto scalare tra il campo vettoriale $f = (\dot{s}, \dot{e}, \dot{i})$ valutato lungo il bordo di Σ e il vettore normale al bordo stesso uscente da Σ :

- $(\dot{s}, \dot{e}, \dot{i})|_{s=0} \cdot (-1, 0, 0) = -\alpha r - \mu < 0;$
- $(\dot{s}, \dot{e}, \dot{i})|_{e=0} \cdot (0, -1, 0) = -\beta i s \leq 0;$
- $(\dot{s}, \dot{e}, \dot{i})|_{i=0} \cdot (0, 0, -1) = -\varepsilon e \leq 0;$
- bisogna a questo punto solo analizzare il comportamento del campo su $\{(s, e, i) | e = i = 0\}$. Il campo valutato lungo questa semiretta è $(\alpha r + \mu(1-s), 0, 0)$, la cui unica componente diversa da 0 è non negativa.

Possiamo quindi concludere che la regione Σ è un insieme invariante per la dinamica.

Si può ora procedere allo studio dei punti di equilibrio del sistema. Il primo passo è quello di individuare eventuali punti stazionari, per poi analizzarne la stabilità.

È facile vedere che il sistema ha un punto di equilibrio banale: $(s, e, i, r) = (1, 0, 0, 0)$, che corrisponde dal punto di vista epidemiologico all'assenza della malattia. Per cercare altri equilibri del sistema, è necessario imporre tutte le equazioni uguali a 0, in quanto queste esprimono la variazione di ogni comportamento. Si osservi che le equazioni per l'evoluzione temporale degli infetti e dei rimossi dipendono solo da due variabili, pertanto ogni equilibrio deve soddisfare le condizioni

$$e = \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} i \quad r = \frac{\gamma}{\mu + \alpha} i \quad .$$

Il fatto che i parametri siano tutti positivi, garantisce che per ogni equilibrio non banale le densità e , i e r siano positive e, di conseguenza, $s < 1$.

Dall'equazione differenziale per e del modello SEIRS in esame, si ricava la seguente condizione:

$$\beta i s = (\varepsilon + \mu) e \quad .$$

Mettendo a sistema le condizioni trovate, scriviamo

$$\begin{cases} \beta i(1 - e - i - r) = (\varepsilon + \mu)e \\ e = \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} i \\ r = \frac{\gamma}{\mu + \alpha} i \end{cases}$$

da cui, sotto l'ipotesi $i \neq 0$, ricaviamo

$$\beta(1 - \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} i - i - \frac{\gamma}{\mu + \alpha} i) = (\varepsilon + \mu) \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} i \quad .$$

Ne segue che ogni punto di equilibrio debba soddisfare anche la condizione

$$i = h(1 - \frac{1}{\sigma}) \quad ,$$

dove

$$h = \frac{\varepsilon(\mu + \alpha)}{\gamma\varepsilon + (\mu + \alpha)(\varepsilon + \gamma + \mu)} \quad \sigma = \frac{\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)} \quad .$$

σ corrisponde proprio al numero di contatto definito per il modello SIR; il motivo sarà chiarito più avanti durante lo studio del sistema.

Il modello SEIRS in esame può quindi presentare un equilibrio non banale che, qualora esista, è determinato da:

$$(s, e, i, r) = \left(\frac{1}{\sigma}, \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} h \left(1 - \frac{1}{\sigma}\right), h \left(1 - \frac{1}{\sigma}\right), \frac{\gamma}{\mu + \alpha} h \left(1 - \frac{1}{\sigma}\right) \right).$$

Si prenda ora in esame l'equazione per i , al fine di determinare sotto quali ipotesi aggiuntive l'equilibrio non banale esista. Si ha che:

- dalla positività dei parametri β , ε , μ e γ deriva che σ sia sempre una quantità positiva; pertanto da $(1 - \frac{i}{h}) = \frac{1}{\sigma}$, si deduce la condizione $i < h$;
- dall'equazione al punto precedente, si evince anche che solo per $\sigma > 1$ esiste un unico punto di equilibrio non banale, e questo tende all'equilibrio banale per $\sigma \rightarrow 1$.

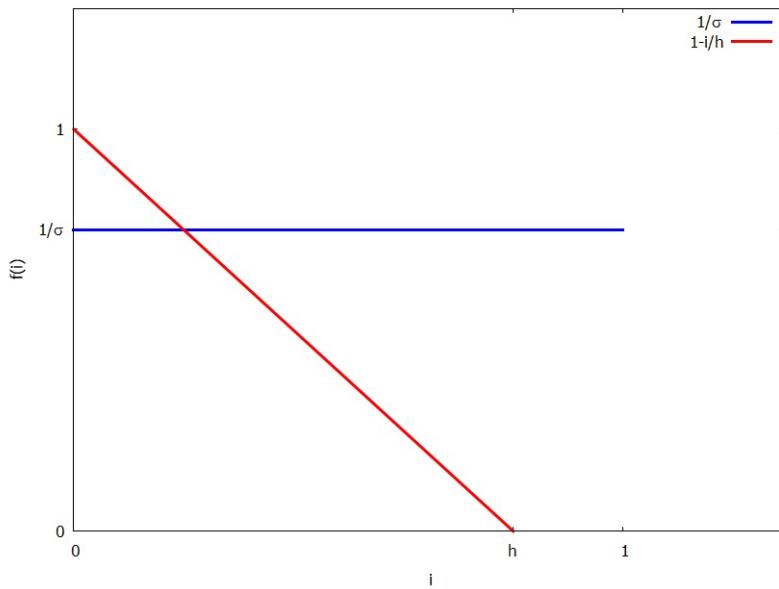


Grafico 1: Intuitivamente possiamo vedere il punto di equilibrio come il punto di intersezione tra le due curve tracciate. Al variare di σ , la curva blu cambierà quota, pertanto il punto di intersezione starà nel quadrato $[0, 1] \times [0, 1]$ solo per $\sigma \geq 1$; in particolare il caso $\sigma = 1$ corrisponde all'equilibrio banale. Dal grafico appare inoltre evidente come, per avere un equilibrio, sia necessario $i < h$.

Passiamo ora allo studio della stabilità linearizzata dei punti trovati, iniziando dal punto di equilibrio banale $(1, 0, 0, 0)$. Ricordiamo che il sistema sarà stabile se tutti gli autovalori associati alla matrice avranno parte

reale negativa. In caso contrario il sistema sarà instabile. Infine, qualora ci fossero autovalori con parte reale nulla e molteplicità 1, il sistema sarà marginalmente stabile.

A partire dal sistema in quattro dimensioni del modello SEIRS, ci si può riportare allo studio di un sistema in dimensione inferiore, sfruttando l'integrale primo $s + e + i + r = 1$ nella forma $s = 1 - e - i - r$:

$$\begin{cases} \dot{e} = \beta i(1 - e - i - r) - \varepsilon e - \mu e \\ \dot{i} = \varepsilon e - \gamma i - \mu i \\ \dot{r} = \gamma i - \alpha r - \mu r \end{cases} .$$

Calcoliamo la jacobiana del sistema nell'origine:

$$J(0, 0, 0) = \begin{pmatrix} -\varepsilon - \mu & \beta & 0 \\ \varepsilon & -\gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\alpha - \mu \end{pmatrix} .$$

Quindi passiamo al calcolo degli autovalori, imponendo a 0 il polinomio caratteristico della matrice:

$$p(x) = -(\varepsilon + \mu + x)(\gamma + \mu + x)(\alpha + \mu + x) + \beta\varepsilon(\alpha + \mu + x) = 0 ,$$

da cui

$$-(\alpha + \mu + x)[-\beta\varepsilon + (\gamma + \mu + x)(\varepsilon + \mu + x)] = 0 .$$

Uno degli autovalori cercati è $-\alpha - \mu$, autovalore reale minore di zero, mentre gli altri due sono le radici del polinomio

$$x^2 + (\gamma + \varepsilon + 2\mu)x + (\gamma + \mu)(\varepsilon + \mu) - \beta\varepsilon$$

e quindi i due autovalori restanti sono nella seguente forma:

$$-\frac{\gamma + \varepsilon + 2\mu}{2} \left[1 \pm \sqrt{1 - 4 \frac{[(\gamma + \mu)(\varepsilon + \mu)] - \beta\varepsilon}{(\gamma + \varepsilon + 2\mu)^2}} \right] .$$

Possiamo ora dedurre la stabilità del punto di equilibrio banale sfruttando la teoria della stabilità linearizzata:

- se $\sigma < 1$, ovvero $(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu) > \beta\varepsilon$, gli autovalori hanno parte reale negativa e quindi, per la teoria della stabilità, il punto di equilibrio in esame è localmente asintoticamente stabile;
- se $\sigma > 1$, due degli autovalori hanno parte reale positiva e ne segue che l'equilibrio è instabile;

- nel caso $\sigma = 1$, non si può dire nulla sulla stabilità dell'equilibrio tramite linearizzazione.

In realtà, si può dire di più sulla stabilità per $\sigma \leq 1$ utilizzando un risultato relativo ai metodi diretti di Ljapunov.

Definizione 2.2.1 ([7]). *Si consideri il sistema dinamico*

$$\dot{x} = f(x)$$

e sia x_0 un suo punto di equilibrio, con $f : U \rightarrow \mathbb{R}$ continua e differenziabile con continuità rispetto a x e dove U è un intorno di x_0 . Una funzione scalare $L : U \rightarrow \mathbb{R}$ è detta **funzione di Ljapunov** se

- $L(x) > 0 \forall x \neq x_0$
- $L(x_0) = 0$
- $\dot{L}(x) \leq 0 \forall x$.

Teorema 2.2.2 ([2]). (*Corollario di Ljapunov-LaSalle*) Sia

$$S = \{x \in U | \dot{L}(x) = 0\}$$

e sia M il più grande insieme invariante per l'equazione $\dot{x} = f(x)$ contenuto in S . Se $L(x) \rightarrow \infty$ per $|x| \rightarrow \infty$ e $\dot{L}(x) \leq 0$ su \mathbb{R}^n , allora tutte le soluzioni dell'equazione differenziale sono limitate e tendono all'insieme $M \subset S$. In particolare, se l'insieme $M = \{0\}$, allora la soluzione $x=0$ è globalmente asintoticamente stabile.

Ricordando ora che il sistema preso in considerazione è tridimensionale, indicheremo con la variabile x il vettore (e, i, r) . Di conseguenza, il punto di equilibrio in esame è $x_0 = (0, 0, 0)$. Dimostriamo quindi che la seguente funzione è di Ljapunov:

$$L = e + \frac{\varepsilon + \mu}{\varepsilon} i .$$

Le prime due condizioni sono banalmente verificate. Procediamo studiando il segno della derivata \dot{L} :

$$\begin{aligned} \dot{L} &= \dot{e} + \frac{\varepsilon + \mu}{\varepsilon} \dot{i} = \beta i(1 - e - i - r) - \varepsilon e - \mu e + \frac{\varepsilon + \mu}{\varepsilon} (\varepsilon e - \gamma i - \mu i) = \\ &= \beta i(1 - e - i - r) - \varepsilon e - \mu e + \varepsilon e + \mu e - \frac{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)}{\varepsilon} i = \end{aligned}$$

$$= \beta i(1 - e - i - r - \frac{1}{\sigma}) .$$

Osserviamo quindi che per $\sigma \leq 1$ è valida la terza condizione di Ljapunov. Possiamo quindi sfruttare, sotto questa ipotesi su σ , il corollario di Ljapunov-LaSalle per provare che x_0 è un equilibrio globalmente asintoticamente stabile. Cerchiamo ora l'insieme S come definito nel teorema. L'uguaglianza $\dot{L} = 0$ è verificata se:

- $i = 0$;
- $\sigma = 1$ e $-e - i - r = 0$, che data la non negatività di e , i e r corrisponde a $\sigma = 1$ e $e = i = r = 0$.

Esaminiamo ora le possibili scelte di punti per costruire l'insieme invariante M :

- se consideriamo l'insieme dei punti tali che $i = 0, e \neq 0$, questo non è invariante, dato che $\dot{i} > 0$;
- se $e = i = 0$, allora $\dot{e} = \dot{i} = 0$ e quindi $r \rightarrow 0$ poiché $\dot{r} = -(\gamma + \mu)r < 0$;
- se $i \neq 0$, allora dato che abbiamo supposto $\sigma \leq 1$ risulta sempre $\dot{L} < 0$.

In conclusione, l'unico insieme positivamente invariante contenuto in S è $(e, i, r) = (0, 0, 0)$; pertanto, il corollario dimostra che l'equilibrio $(0, 0, 0)$ del modello in esame risulta globalmente asintoticamente stabile per $\sigma \leq 1$. Ciò significa che ogni soluzione che abbia dato iniziale nella regione di spazio $\{(e, i, r) | e, i, r \geq 0, e + i + r \leq 0\}$ tende al punto di equilibrio banale.

Quanto appena affermato ci porta a concludere che il corrispondente punto del sistema SEIRS, ovvero $(s, e, i, r) = (1, 0, 0, 0)$, risulta un punto globalmente asintoticamente stabile per $\sigma \leq 1$.

È possibile ora chiarire perché σ sia il numero di contatto. Dal punto di vista epidemiologico, il valore di σ determina infatti in che modo evolve la malattia: se $\sigma \leq 1$, allora ogni individuo infetto può passare la malattia al più ad un altro individuo e l'infezione scompare nel tempo. Da un punto di vista matematico, questo corrisponde ad avere un unico punto di equilibrio globalmente asintoticamente stabile corrispondente all'equilibrio banale in cui la popolazione è composta solo da suscettibili. Se invece $\sigma > 1$, allora ogni infetto ha abbastanza contatti da far restare endemica la malattia nella popolazione, ed infatti per tali valori di σ l'equilibrio banale è instabile.

Passiamo ora allo studio della stabilità dell'equilibrio non banale, calcolando la jacobiana del sistema in tale punto. Per comodità, chiameremo

il punto di equilibrio in esame (e_{eq}, i_{eq}, r_{eq}) . Si ricordi che il sistema a cui facciamo riferimento è il seguente:

$$\begin{cases} \dot{e} = \beta i(1 - e - i - r) - \varepsilon e - \mu e \\ \dot{i} = \varepsilon e - \gamma i - \mu i \\ \dot{r} = \gamma i - \alpha r - \mu r \end{cases} .$$

Dopo aver svolto i calcoli, si ottiene come $J_{eq} = J(e_{eq}, i_{eq}, r_{eq})$ la matrice

$$\begin{pmatrix} -\beta h(1 - \frac{1}{\sigma}) - \varepsilon - \mu & \beta h(1 - \frac{1}{\sigma})[\frac{1}{h(1 - \frac{1}{\sigma})} - \frac{\gamma + \mu}{\varepsilon} - 2 - \frac{\gamma}{\mu + \alpha}] & -\beta h(1 - \frac{1}{\sigma}) \\ \varepsilon & -\gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\alpha - \mu \end{pmatrix} .$$

A partire da J_{eq} , sfruttiamo il criterio di Routh-Hurwitz per lo studio dei segni della parte reale dei suoi autovalori.

Teorema 2.2.3 ([5]). (*Criterio di Routh-Hurwitz*) *Sia J la matrice jacobiana associata ad un sistema dinamico. Una condizione necessaria e sufficiente affinché il sistema sia stabile è che gli elementi della prima colonna dell'array di Routh associato al polinomio caratteristico di J abbiano tutti lo stesso segno. Quando questa condizione non è verificata, il sistema è instabile e il numero di cambi di segno nella prima colonna corrisponde al numero di autovalori di J con parte reale positiva.*

Ad una matrice come quella data, si associa un polinomio caratteristico nella forma

$$p(x) = -x^3 + \text{tr}(J)x^2 - Sx + \det(J) ,$$

dove S è la somma dei minori principali del secondo ordine di J_{eq} . L'array di Routh è dato da:

$$\begin{pmatrix} -1 & -S \\ \text{tr} & \det \\ \frac{\det - S \cdot \text{tr}}{\text{tr}} & 0 \\ \det & 0 \end{pmatrix}$$

dove tr e \det sono rispettivamente la traccia e il determinante della matrice J_{eq} . Condizione necessaria e sufficiente affinché tutti gli autovalori di J_{eq} abbiano parte reale negativa è che la prima colonna della matrice abbia tutte le entrate dello stesso segno. Essendo $-1 < 0$, si richiede quindi:

1. $\text{tr} < 0$;
2. $\det < 0$;

3. per il primo punto, $S \cdot tr - det < 0$.

Procediamo dunque cercando di capire quando queste tre condizioni sono soddisfatte.

1. La traccia è data da:

$$-\left[\beta h\left(1 - \frac{1}{\sigma}\right) + \varepsilon + 3\mu + \gamma + \alpha\right]$$

e poiché per l'esistenza dell'equilibrio non banale avevamo richiesto che σ fosse strettamente maggiore di 1, la traccia è negativa per ogni valore strettamente positivo dei parametri in gioco.

2. Per calcolare il determinante, riscriviamo la matrice J_{eq} . Chiamiamo $k = \frac{\beta}{\sigma}$ e $x = \sigma - 1$, che saranno due quantità positive. In questo modo, si ottiene:

$$\begin{pmatrix} -khx - \varepsilon - \mu & k(1 - hx) & -khx \\ \varepsilon & -\gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\alpha - \mu \end{pmatrix} .$$

Dallo sviluppo di Laplace applicato alla prima colonna, si ottiene la seguente espressione per il determinante:

$$-hx \left[\frac{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)^2(\alpha + \mu)}{\varepsilon} + (\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)(\alpha + \mu) + \gamma(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu) \right].$$

Dato che le costanti e la variabile x sono tutte quantità positive, il determinante è minore di 0.

3. Utilizzando la matrice al punto due, scriviamo

$$S = khx(\varepsilon + \gamma + \alpha + 2\mu) + (\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu) - \varepsilon k + (\gamma + \mu)(\alpha + \mu) + (\varepsilon + \mu)(\alpha + \mu),$$

e anche la traccia, come il determinante, si esprime come un polinomio di primo grado nella forma

$$tr = -(khx + \varepsilon + 3\mu + \gamma + \alpha) .$$

Da ciò segue che la quantità $S \cdot tr - det$ può essere espressa nella forma

$$q(x) = a(khx)^2 + b(khx) + c .$$

Svolgendo i calcoli ([3]), si ottiene

$$a = -(\varepsilon + \gamma + \alpha + 2\mu) < 0;$$

$$b = -(\varepsilon + \gamma + \alpha + \gamma + 3\mu) + (\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu) + \mu^2 < 0 ;$$

$$c = -(\alpha + \mu)(\gamma + \varepsilon + 2\mu)(\varepsilon + \gamma + \alpha + 3\mu) < 0 ;$$

pertanto il punto 3 è verificato.

Dall'analisi svolta, si deduce che il punto (e_{eq}, i_{eq}, r_{eq}) è un punto di equilibrio localmente asintoticamente stabile. Vorremmo, come fatto per il punto di equilibrio banale, studiare la possibilità di avere globale asintotica stabilità. Data la difficoltà dell'impresa, ci limitiamo a riportare dei risultati su modelli più semplici [3, 4], direttamente ottenibili dal SEIRS con popolazione totale costante. Notiamo infatti che

- il SIRS si ottiene dal SEIRS per $\varepsilon \rightarrow \infty$;
- il SIR si ottiene dal SIRS ponendo $\alpha = 0$;
- il SIS si ottiene dal SIRS per $\alpha \rightarrow \infty$;
- il SEIR si ottiene direttamente dal SEIRS ponendo $\alpha = 0$.

Del SIR abbiamo già discusso nel primo capitolo, mentre la globale asintotica stabilità del punto di equilibrio non banale, per $\sigma > 1$, negli altri modelli citati è dimostrabile [4, 14]. Uno studio della stabilità dei punti di equilibrio del modello SEIRS è invece riportato in forma discreta in "*Global dynamics for a class of discrete SEIRS epidemic models with general nonlinear incidence*" [10]. Nel prossimo capitolo tenteremo di ovviare alla complessità dello studio analitico, trattando gli equilibri e la loro stabilità utilizzando un approccio numerico. Anche in quell'ambito risaliremo a modelli più semplici a partire dal modello SEIRS, evitando però di portare al limite i coefficienti.

3 Stabilità numerica

Come abbiamo potuto apprendere dall'ultimo capitolo, trovare e classificare i punti di equilibrio di un sistema SEIRS può essere un'operazione molto insidiosa e, alle volte, infruttuosa. Avrebbe quindi poco senso avventurarsi in una giungla di calcoli e teoremi come quella che circonda gli equilibri del sistema (1). Tuttavia rinunciare allo studio analitico del modello non significa non poter avere alcuna informazione a riguardo. In questa sezione cercheremo infatti di raggiungere delle conclusioni importanti sul modello SEIRS generico, aggirando le possibili difficoltà. Per farlo sfrutteremo l'analisi numerica, che si occupa di studiare vari scenari proposti dall'analisi matematica, semplificando notevolmente i processi tramite l'utilizzo di algoritmi ed approssimazioni.

Dopo questa premessa è evidente che le conclusioni che raggiungeremo in questo capitolo non avranno una dimostrazione o una spiegazione inconfutabile, ma saranno solo il frutto di ragionamenti logici, supportati da numerosi test numerici.

3.1 Il metodo

Prima di procedere riportiamo nuovamente per intero il problema di Cauchy relativo al sistema (1), che utilizzeremo nei nostri algoritmi:

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta s i + \alpha r + \delta_s(s + e + i + r) - \mu_s s \\ \dot{e} = \beta s i - \varepsilon e + \delta_e(s + e + i + r) - \mu_e e \\ \dot{i} = \varepsilon e - \gamma i + \delta_i(s + e + i + r) - \mu_i i \\ \dot{r} = \gamma i - \alpha r + \delta_r(s + e + i + r) - \mu_r r \\ s(0) = s_0 \\ e(0) = e_0 \\ i(0) = i_0 \\ r(0) = r_0 \end{cases}.$$

Quello appena scritto è un problema ai valori iniziali relativo ad un'equazione differenziale ordinaria. In analisi numerica esistono decine di metodi per studiare tali sistemi e quelli tra cui selezioneremo il nostro sono i metodi a un passo [9]. Questi sono caratterizzati dall'utilizzo dei risultati del solo passo n -esimo per svolgere il passo $n+1$ dell'algoritmo. Esistono due tipi di metodi one-step per l'approssimazione delle soluzioni di un'equazione differenziale ordinaria: espliciti, nei quali l'equazione per la soluzione al passo $n+1$ dipende solo dal passo n , e impliciti, dove il passo $n+1$ dipende sia dal passo

n sia dallo stesso $n+1$. Nonostante i metodi impliciti garantiscano in generale una maggiore velocità di convergenza rispetto agli esplicativi, questi risultano computazionalmente più costosi e sono più difficili da implementare, pertanto ci avvarremo di un metodo esplicito. La minore velocità di convergenza non sarà un problema, in quanto tutti i termini delle equazioni sono lineari e quindi semplici da approssimare.

Tra tutti i metodi one-step possibili, quello utilizzato per approssimare il sistema rientra nel gruppo dei Runge-Kutta.

Definizione 3.1.1 ([9]). *Un metodo **Runge-Kutta a s stadi** per la risoluzione del sistema*

$$\begin{cases} \dot{y}(t) = f(t, y(t)) \\ y(t_0) = y_0 \end{cases}$$

è scritto nella forma

$$u^{n+1} = u^n + hF(t_n, u^n, h; f),$$

con $F(t_n, u^n, h; f) = \sum_{i=1}^s b_i K_i$, dove vale

$$K_i = f(t_n + c_i h, u^n + h \sum_{j=1}^s a_{ij} K_j)$$

e dove $b \in \mathbb{R}^s$, $c \in \mathbb{R}^s$ e $A = (a_{ij}) \in \mathbb{R}^{s \times s}$. h è il rapporto tra la differenza tra tempo finale T e tempo iniziale t_0 e il numero di passi n .

La scelta di A , b e c determina un metodo Runge-Kutta. Il metodo Runge-Kutta che useremo è il seguente a 4 stadi :

$$\begin{cases} K_1 = f(t_n, u^n) \\ K_2 = f(t_n + \frac{h}{2}, u^n + \frac{h}{2} K_1) \\ K_3 = f(t_n + \frac{h}{2}, u^n + \frac{h}{2} K_2) \\ K_4 = f(t_{n+1}, u^n + h K_3) \\ u^{n+1} = u^n + \frac{h}{6}(K_1 + 2K_2 + 2K_3 + K_4) \end{cases}.$$

Nel nostro caso la funzione f è data dal vettore delle quattro espressioni che descrivono le dinamiche del sistema. La scelta di questo metodo è dovuta ad un ottimo bilancio tra semplicità di implementazione, velocità di convergenza, stabilità e costi computazionali.

3.2 Test numerici ridotti

Ora che abbiamo introdotto il metodo per approssimare le soluzioni del sistema, possiamo procedere con dei primi test numerici, volti soprattutto ad una maggiore comprensione del modello SEIRS e della sua duttilità.

Tutte le simulazioni sono state svolte grazie all'algoritmo `Modello_SEIRS`, riportato in appendice. Per i grafici abbiamo posto $n = 3251$, così da non avere problemi di convergenza. Infine supponiamo sempre che lo studio inizi al tempo 0, pertanto varrà sempre $t_0 = 0$.

In questa sezione vogliamo giustificare lo studio di un sistema complesso come il sistema (1), preferito ai tanti modelli esistenti più semplici sia da costruire sia da studiare, vedendo come, in realtà, questo possa essere utilizzato allo stesso modo degli altri modelli solo tramite opportune scelte dei coefficienti. Alle volte infatti alcune dinamiche più semplici non necessitano tante variabili per essere descritte. Vediamo quindi come poter usare il SEIRS generico per studiare modelli SEIR in alcune situazioni. Banalmente il primo passo sarà porre $\alpha = 0$, così da cancellare l'interazione diretta tra suscettibili e recuperati. Chiaramente nel modello SEIR tutti i suscettibili che si ammalano diventeranno dopo un certo tempo dei recuperati. Nel primo caso che vedremo, semplifichiamo ulteriormente le equazioni supponendo che nella popolazione non ci siano natalità e mortalità, ovvero supponiamo un comportamento epidemico della malattia. Sotto questa ipotesi la popolazione totale si manterrà costante nel tempo, pertanto possiamo usare come dati iniziali le densità calcolate sulla popolazione stessa, identicamente a quanto fatto per il modello SIR. I dati iniziali saranno quindi $s_0 = 0.9999$, $e_0 = 0.0001$, $i_0 = 0$ e $r_0 = 0$. Osserviamo che, contrariamente a quanto fatto nel modello SIR, la malattia può essere introdotta tramite un soggetto esposto anziché uno infetto: questo è logico, in quanto una malattia che prevede un periodo di non infettività si comporta allo stesso modo anche per il "paziente 0". Fissiamo quindi gli ultimi parametri: $\beta = 2.8$, $\varepsilon = 0.2$ e $\gamma = 0.8$ [13]. Il grafico relativo ad un periodo di 90 anni del sistema ottenuto con queste scelte è il seguente.

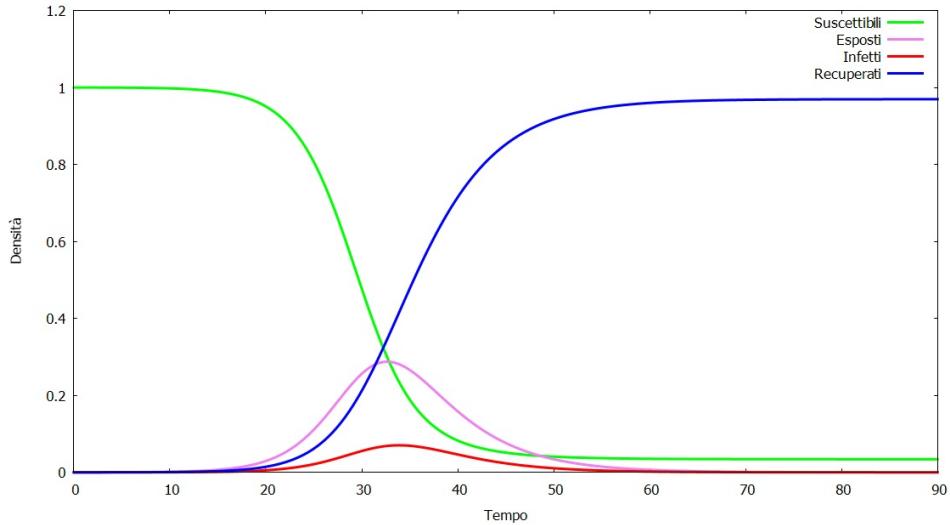


Grafico 2: Il modello SEIR presenta un punto di equilibrio asintoticamente stabile, che chiaramente necessita le condizioni $e = 0$ e $i = 0$. Trattandosi di un'epidemia, la malattia si estingue in un breve periodo, dopo aver raggiunto il picco epidemico.

Come dimostra il **Grafico 2**, il nostro sistema si presta allo studio di modelli del SEIR epidemici; tuttavia le sue possibilità sono molto più ampie. Abbiamo visto come, per svolgere la simulazione, sia stato necessario azzerare i tassi di natalità e mortalità dei compartimenti. Ebbene, introducendo nuovamente tali coefficienti nella dinamica, possiamo analizzare il modello SEIR nella sua forma endemica. Iniziamo con un caso semplificato, ovvero nel quale manteniamo costante la popolazione totale e in cui supponiamo che tutti i nuovi nati appartengano alla classe dei suscettibili. Questa descrizione corrisponde ad una particolare scelta dei coefficienti: l'unico tasso di natalità ad essere introdotto sarà δ_s , mentre ogni tasso di mortalità sarà pari proprio a δ_s . Rispetto al **Grafico 2** andremo quindi a porre $\delta_s = \mu_s = \mu_e = \mu_i = \mu_r = 0.03$, estendendo lo studio ad un periodo di 200 anni.

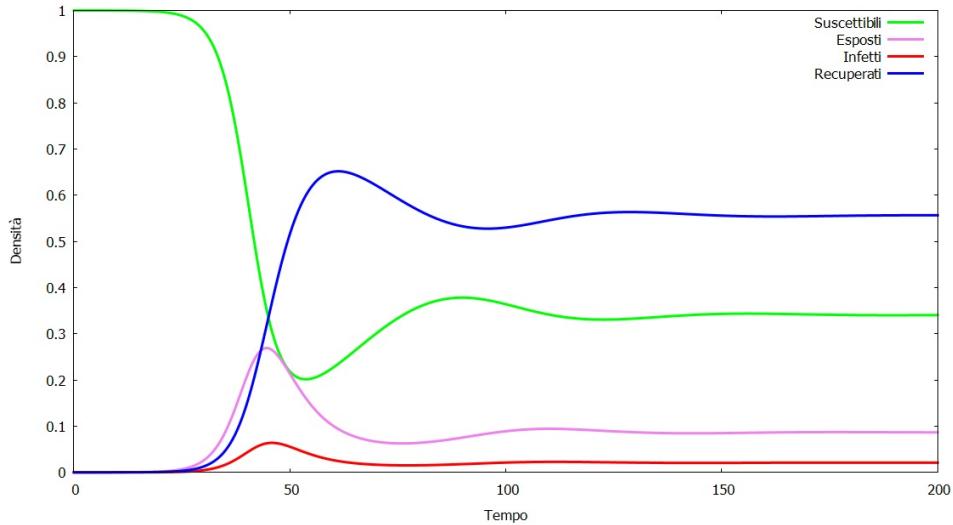


Grafico 3: Anche il modello SEIR endemico a popolazione costante presenta un punto di equilibrio asintoticamente stabile, raggiunto dopo un'oscillazione delle traiettorie. Osserviamo come in questo caso la malattia non si estinguerà del tutto, rimanendo appunto endemica nella popolazione.

Chiaramente il nostro modello permette anche di utilizzare dei tassi diversi tra loro, facendo tuttavia venir meno la condizione sulla popolazione totale. Un banale esempio può essere rappresentato dalla seguente scelta dei coefficienti: $\delta_s = 0.02$, $\mu_s = 0.015$, $\mu_e = 0.02$, $\mu_i = 0.05$ e $\mu_r = 0.015$. Prima di vedere le traiettorie generate dal nuovo sistema, soffermiamoci brevemente sui nuovi parametri. Nonostante possano sembrare scelti in modo del tutto casuale, il loro attuale valore stabilisce un comportamento molto preciso: stiamo infatti supponendo che suscettibili e recuperati abbiano lo stesso tasso di mortalità, considerabile indipendente dalla malattia, e che gli esposti e gli infetti siano invece maggiormente a rischio proprio a causa della malattia. Chiaramente un'ipotesi del genere non rappresenta un'eventualità così remota, in quanto in ambito epidemiologico capiterà nella maggior parte dei casi di studiare epidemie che influenzano la probabilità di sopravvivenza degli individui.

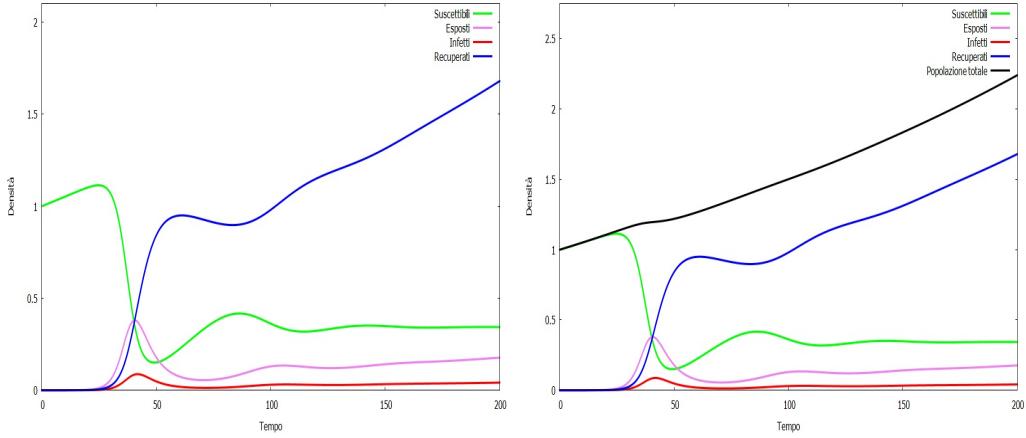


Grafico 4: Lo stesso sistema senza e con la popolazione totale. A sinistra si può apprezzare la somiglianza con il precedente caso endemico; a destra notiamo come non venga raggiunto un punto di equilibrio, in quanto la popolazione totale continuerà a crescere in virtù dell'aumento dei recuperati.

Da questa situazione possiamo ricavare alcune conclusioni: come prima cosa possiamo evidenziare un limite del modello SEIR endemico, ovvero la dinamica dei recuperati, i quali possono diminuire solo tramite morte; tuttavia possiamo anche osservare come le altre classi oscillino molto poco a fine periodo. L'ultima osservazione ci porta a pensare che, a patto di variare a dovere il tasso di mortalità dei recuperati, possa esistere una conformazione di coefficienti che porti ad un equilibrio.

Fino ad ora ci siamo concentrati su popolazioni di suscettibili all'interno delle quali viene introdotto un individuo esposto. Tuttavia, durante i nostri discorsi, siamo arrivati rapidamente a parlare di endemie. Lo studio di situazioni endemiche è interessante soprattutto per capire come la presenza di una malattia all'interno di una popolazione possa influenzarne nel corso degli anni la densità demografica. In quest'ottica, assume maggiore importanza il comportamento del modello nella parte centrale e in quella finale dello studio, rendendo così poco rilevante lo stato iniziale del sistema, che servirà solo come base di calcolo per i tempi successivi. Per essere più chiari, data la durata estesa di un'endemia, non è sempre importante studiare la malattia dal momento in cui questa si inserisce nelle dinamiche, ma la si può analizzare anche quando è già presente nella popolazione. Chiaramente quanto appena detto si trascrive in matematica con un cambio dei dati iniziali del problema di Cauchy. Andiamo quindi a studiare il comportamento dei sistemi relativi ai **Grafici 2 e 3**, supponendo che nella popolazione sia già presente una

quantità considerevole di esposti: poniamo quindi come dati iniziali $s_0 = 0.7$ e $e_0 = 0.3$.

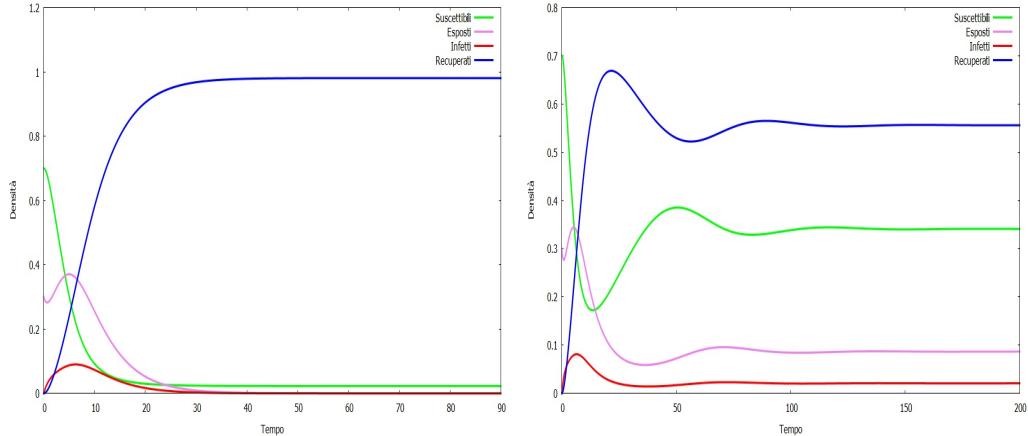


Grafico 5: A sinistra la variazione del **Grafico 2** e a destra la variazione relativa al **Grafico 3**. Il punto di equilibrio raggiunto è lo stesso al variare dei dati iniziali.

Osserviamo come le due dinamiche ottenute siano molto simili alle precedenti, solo traslate nel tempo. Infatti la presenza di un punto di equilibrio asintoticamente stabile nel sistema indica che, per come sono stati scelti i nuovi dati iniziali, la dinamica oscillatoria semplicemente avvenga prima. Epidemiologicamente possiamo interpretare questo comportamento del sistema come se le curve iniziali descritte nei **Grafici 2** e **3** date dall'inizio della malattia, fossero state percorse nel tempo precedente allo studio. Alternativamente, possiamo immaginare di studiare i primi sistemi da un tempo t_0 maggiore, rimanendo così perfettamente in linea con il discorso dello studio delle endemie. Chiaramente gli equilibri raggiunti saranno gli stessi, in quanto sono globalmente asintoticamente stabili e, quindi, indipendenti dai dati iniziali.

Infine riportiamo per completezza un esempio di variazione dei dati iniziali applicato al **Grafico 4**. Questa volta supponiamo di iniziare lo studio con la seguente configurazione dei valori al tempo t_0 : $s_0 = 0.2$, $e_0 = 0.3$, $i_0 = 0.4$ e $r_0 = 0.1$, ovvero supponiamo di essere in uno stato di diffusione della malattia ancora più avanzato.

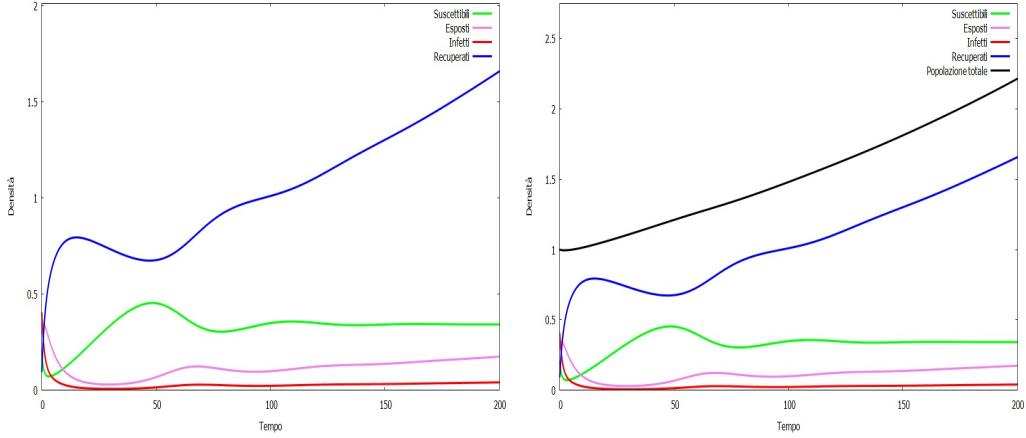


Grafico 6: Un esempio di cambio di valori iniziali relativi al **Grafico 4**.
Anche in questo caso la dinamica si svolge in anticipo.

Chiaramente tutti i discorsi fatti relativamente al **Grafico 5** rimangono validi, ad eccezione di quelli riguardanti il punto di equilibrio.

Dopo aver sviscerato le possibilità di applicazione del sistema (1) relativamente al modello SEIR, vediamo due suoi possibili ulteriori utilizzi, sempre nella visione di farne capire la duttilità.

La prima variante che presentiamo riguarda le densità. Infatti tutti i grafici presenti fino ad ora hanno un elemento in comune: la popolazione è rappresentata come densità calcolata sulla popolazione iniziale. Tuttavia nulla del modo in cui sono definite le equazioni del sistema dinamico ci obbliga a rimanere sotto una tale restrizione. Possiamo quindi passare senza alcun problema all'utilizzo di densità superficiali o di popolazioni compartmentali, in maniera del tutto equivalente. A supporto di quanto appena affermato, il prossimo test numerico vede all'inizio dell'epidemia $s_0 = 9999$ e $e_0 = 1$, con $i_0 = r_0 = 0$, ovvero su una popolazione di 10000 individui supponiamo che uno sia stato esposto alla malattia. Supponiamo ancora $\alpha = 0$ ed annulliamo nuovamente tutti i tassi di natalità e mortalità, rimanendo pertanto nello studio del modello SEIR. Nonostante si tratti di uno studio epidemico, concentriamo lo studio su un periodo di 200 anni.

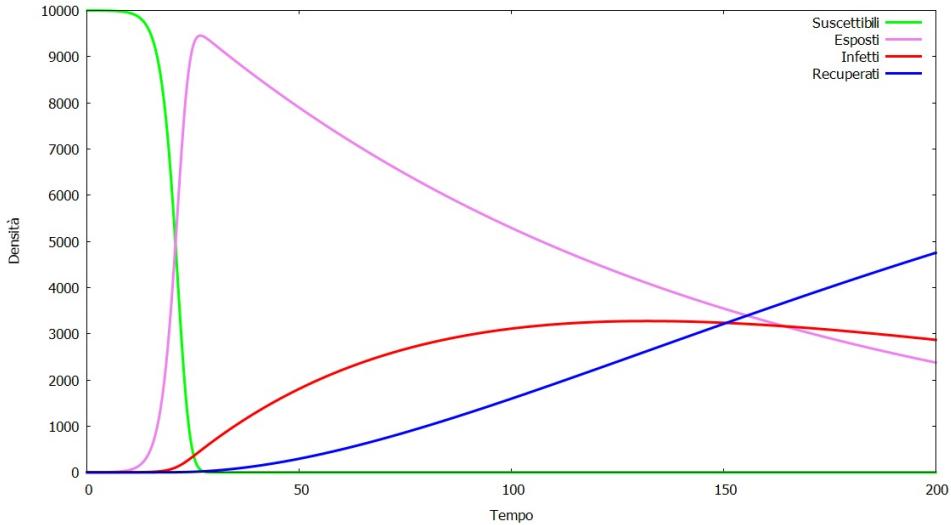


Grafico 7: I coefficienti utilizzati sono $\beta = 0.0028$, $\varepsilon = 0.008$ e $\gamma = 0.01$. In questa dinamica quasi tutti i suscettibili vengono esposti alla malattia in un breve arco di tempo, causando un picco negli esposti. Dopo questo picco inizierà una crescita graduale di infetti e recuperati, con i primi che dopo un lungo periodo cominceranno a decrescere.

Osserviamo come l'utilizzo del numero di individui al posto della densità possa comportare una necessità di cambiare l'ordine di grandezza dei vari coefficienti del modello.

Concludiamo questa sezione con un'applicazione del SEIRS generico leggermente diversa rispetto a quelle viste fino ad ora. Nello specifico, oltre ad eliminare l'interazione tra suscettibili e recuperati come nel modello SEIR, escludiamo anche il rapporto diretto tra infetti e recuperati. Così facendo otteniamo un modello SEI, dove chi diventa infetto non ha possibilità di guarigione. Questa ipotesi può sembrare eccessivamente pessimista e poco realistica e, conseguentemente, poco interessante. Tuttavia non tutte le malattie si comportano come una banale influenza stagionale. Prendiamo come riferimento l'HIV: un soggetto suscettibile può diventare sieropositivo venendo a contatto con un altro sieropositivo, entrando così nella classe degli esposti; a loro volta gli individui malati di HIV, ovvero la classe degli esposti nel nostro sistema, possono rimanere sieropositivi o contrarre l'AIDS, la malattia vera e propria, entrando così negli infetti; l'attuale assenza di cure risolutive per la malattia significa che una classe dei recuperati in un tale contesto non possa esistere. Nonostante nel nostro modello si supponga che gli esposti non siano in grado di passare la malattia ai suscettibili, contrariamente a quanto

avviene con l'HIV, le dinamiche assunte dal sistema attenuano questa imprecisione, rendendo il modello una schematizzazione abbastanza affidabile. Infine possiamo supporre di studiare la malattia in un periodo abbastanza breve, all'interno del quale possiamo evitare di considerare la mortalità o la natalità, ovvero poniamo $T = 90$. Poniamo quindi $\alpha = \gamma = 0$ e manteniamo nulli i coefficienti di nascita e morte. Infine supponiamo di non avere infetti ad inizio studio e di avere $s_0 = 9997$ e $e_0 = 3$.

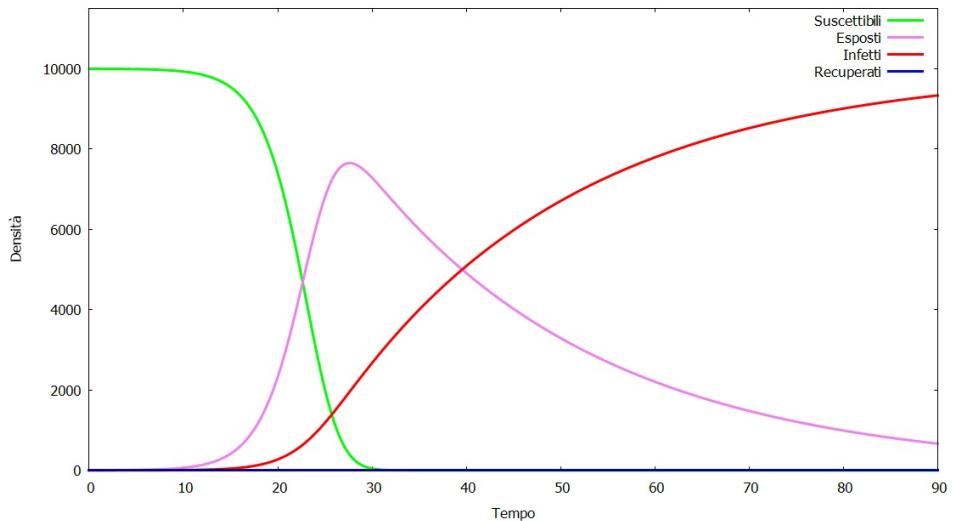


Grafico 8: I coefficienti utilizzati sono $\beta = 0.0004$ e $\varepsilon = 0.04$. In questa situazione i soggetti suscettibili andranno a scomparire, fatto improbabile ad esempio nel caso dell'HIV.

Nonostante il grafico ottenuto sia in generale poco realistico, la monotonia della curva degli infetti è proprio quella che ci saremmo aspettati in assenza di nascite e morti. Chiaramente però, la generalità di questo esempio non risiede nel poter o meno rappresentare la singola malattia HIV. Infatti, a patto di cambiare nome ai compartimenti, le dinamiche rimaste nel sistema sono proprio quelle di un modello SIR. Pertanto, anche se da un punto di vista epidemiologico sarà necessario rinominare le varie classi, da un punto di vista matematico abbiamo appena studiato un esempio di modello SIR con popolazione totale al posto delle densità. Questo come ulteriore conferma dell'elasticità del nostro modello SEIRS, utilizzabile come abbiamo visto al posto di numerosi altri modelli.

3.3 Test numerici completi

Dopo aver presentato delle possibili applicazioni del modello SEIRS generico tramite delle semplificazioni del sistema, ci occuperemo in questa sezione di studiarlo nella sua forma completa, sempre tramite l'ausilio di test numerici. Nel capitolo precedente abbiamo spesso supposto di non avere natalità e mortalità ed abbiamo analizzato solo esempi dove l'interazione tra suscettibili e recuperati non fosse presente. Inoltre abbiamo sempre considerato i nuovi nati come suscettibili e mai come appartenenti alle altre classi. Tuttavia il nostro sistema ci permette di fare delle ipotesi molto più specifiche, applicabili a situazioni anche molto diverse da quelle viste fino ad ora.

Innanzitutto specifichiamo che in questa sezione, data la volontà di sfruttare natalità e mortalità, prenderemo in esame delle situazioni endemiche, pertanto fisseremo sempre il tempo di studio a 200 anni, ovvero $T = 200$. Inoltre non potremo più aspettarci una popolazione totale costante, pertanto sfrutteremo quanto appreso in precedenza utilizzando come dati le popolazioni totali dei vari compartimenti al posto delle densità. Per la stessa ragione presenteremo la maggior parte dei grafici tramite un confronto della stessa situazione senza e con popolazione totale, in quanto diventa importante capire a livello demografico come i cambiamenti delle varie classi influenzino il numero complessivo di individui.

Incominciamo lo studio su un campione di 1000 individui, di cui 997 suscettibili e 3 esposti alla malattia. Come coefficienti imponiamo $\beta = 0.004$, $\alpha = 0.1$, $\delta_s = 0.62$, $\mu_s = 0.9$, $\varepsilon = 0.7$, $\delta_e = 0.1$, $\mu_e = 0.9$, $\gamma = 0.2$, $\delta_i = 0.02$, $\mu_i = 1.4$, $\delta_r = 0.2$ e $\mu_r = 0.75$. La scelta dei dati iniziali implica che stiamo iniziando lo studio delle popolazioni all'inizio dell'endemia. Chiaramente supporre che i nuovi nati possano appartenere ad una qualunque delle classi è molto poco realistico: più probabilmente, a seconda della malattia in esame, questi nasceranno solo in alcuni compartimenti. Tuttavia è molto semplice risalire a situazioni più specifiche a partire dal caso generico, qualora questo presenti dei comportamenti rilevanti. Infatti, come abbiamo visto nell'ultimo capitolo, è sufficiente azzerare i giusti coefficienti. Vediamo quindi quali traiettorie vengono generate da questa scelta dei parametri.

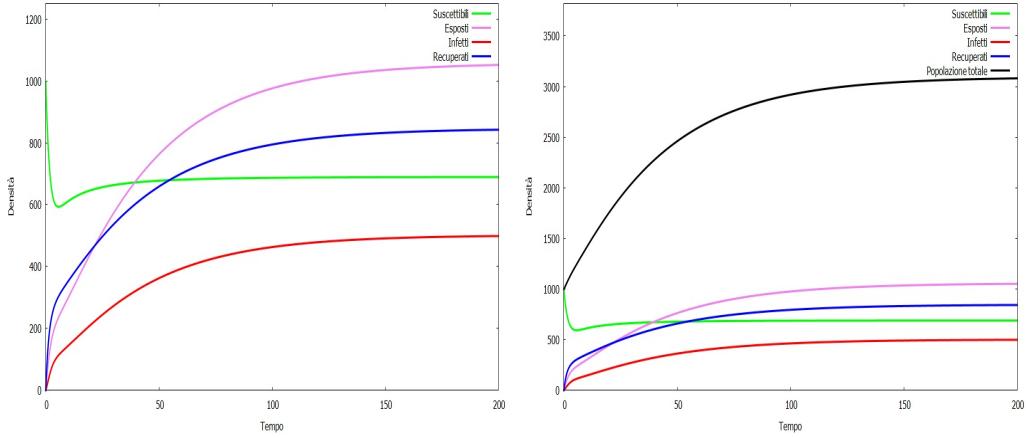


Grafico 9: La popolazione totale rimane in costante aumento a causa delle elevate natalità inserite come parametri. Il sistema sembra raggiungere un equilibrio a fine studio.

Il primo commento che faremo è di carattere sociologico. Distaccandoci per un attimo dallo studio numerico del sistema, ricordiamo il senso di ciò che stiamo facendo: i modelli epidemiologici servono per prevedere la diffusione di una malattia all'interno di una popolazione, monitorando i suoi effetti demografici. I risultati di questi modelli non vengono usati solo a scopo di ricerca, bensì vengono attivamente sfruttati proprio per capire come agire affinché l'epidemia non abbia delle conseguenze importanti sulla popolazione. Tutto ciò ha chiaramente delle ripercussioni a livello sociale e anche queste devono essere lette in anticipo affinché possano essere tenute sotto controllo. Ebbene, tramite i grafici è possibile farsi un'idea di cosa l'esplosione della malattia possa provocare a livello di interazioni sociali, chiaramente basandosi su secoli di esperienze passate dell'uomo. Per fare un esempio pratico, nel **Grafico 9** possiamo vedere una rapida decrescita dei soggetti suscettibili, accompagnata dall'aumento di tutti gli altri compartimenti. Nel caso di malattie pericolose, questo è il momento in cui si può diffondere il panico nella popolazione e, in alcuni casi, si possono sfruttare questo tipo di previsioni per capire come agire. Osserviamo anche che, con lo stabilizzarsi del sistema, la popolazione tende ad abituarsi alla presenza della malattia, facendo sì che questa diventi la normalità.

Tornando agli aspetti matematici, dal grafico in esame risulta abbastanza evidente l'esistenza di un punto di equilibrio almeno localmente attrattivo. Questo risultato è un ottimo punto di partenza per i nostri discorsi, in quanto possiamo iniziare a parlare di equilibri del modello SEIRS. Chiaramente un solo caso isolato non basta per trarre delle conclusioni. Presentiamo quindi

una seconda situazione. Teniamo invariati i dati iniziali e modifichiamo i coefficienti nel seguente modo: $\beta = 0.0009$, $\alpha = 0.5259$, $\delta_s = 0.5932$, $\mu_s = 0.8899$, $\varepsilon = 0.92$, $\delta_e = 0.0034$, $\mu_e = 1.7725$, $\gamma = 0.7885$, $\delta_i = 0.0729$, $\mu_i = 0.9776$, $\delta_r = 0.2644$ e $\mu_r = 0.6941$. Prima di procedere osserviamo che la scelta di μ_e ha più senso matematicamente che epidemiologicamente, dato il suo elevato valore. Le traiettorie descritte dalla nuova configurazione del sistema sono le seguenti.

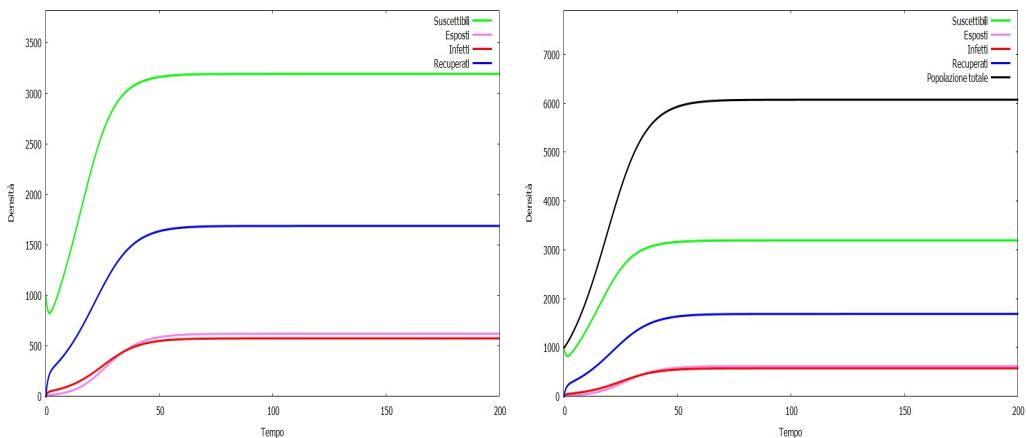


Grafico 10: Un secondo esempio con popolazione crescente, dove tutti i compartimenti presentano un andamento simile tra loro. Il grafico è stato ottenuto utilizzando coefficienti randomici selezionati in un intervallo di valori prestabilito.

In questo secondo esempio abbiamo nuovamente la dinamica che raggiunge un equilibrio, pertanto possiamo considerare l'esito di questo test come estremamente positivo. Tuttavia, nonostante i parametri in uso siano nettamente differenti rispetto al **Grafico 9**, in generale l'andamento del sistema risulta simile e ancora una volta molto poco realistico. Vogliamo quindi studiare una situazione differente.

Essenzialmente ciò che vogliamo fare adesso è vedere un caso dove la malattia, insieme anche ai tassi di mortalità, influenzi vistosamente il numero di individui. Prendiamo quindi sempre gli stessi dati iniziali. Dato che i recuperati tendono ad essere la classe con più crescita, andiamo ad aumentare in particolare μ_r e compensiamo parzialmente diminuendo α . Utilizziamo quindi i seguenti parametri: $\beta = 0.00019$, $\alpha = 0.04$, $\delta_s = 0.045$, $\mu_s = 0.13$, $\varepsilon = 0.87$, $\delta_e = 0.45$, $\mu_e = 0.62$, $\gamma = 0.15$, $\delta_i = 0.12$, $\mu_i = 1.02$, $\delta_r = 0.05$ e $\mu_r = 1.74$. Così facendo otterremo il **Grafico 11**. Il rapporto tra μ_i e μ_r indica ancora come la situazione che stiamo analizzando risulti

irrealistica epidemiologicamente parlando. Rimane in ogni caso rilevante matematicamente.

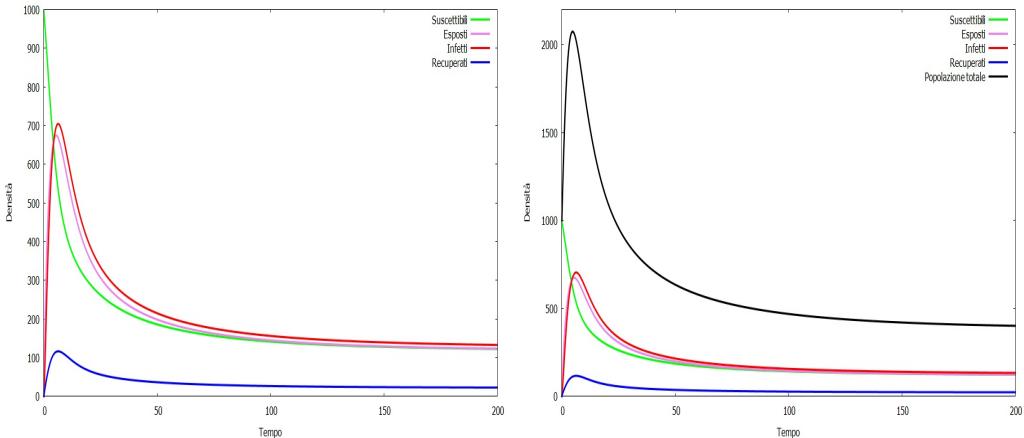


Grafico 11: Tutti i compartimenti sono definitivamente decrescenti, con la popolazione totale finale che sarà minore di quella iniziale. Anche in questo contesto viene raggiunto un equilibrio. Il grafico è stato ottenuto utilizzando coefficienti randomici selezionati in un intervallo di valori prestabilito.

Dopo un primo picco dovuto alla crescita di esposti e infetti, la popolazione totale diminuirà molto rapidamente, grazie non solo alla malattia, ma anche ai tassi di mortalità (che in un contesto realistico vengono in ogni caso influenzati dalla presenza della malattia nella popolazione). Diversamente da quanto visto nei precedenti test, questa volta il punto di equilibrio viene raggiunto dall'alto, dopo un'importante decrescita demografica rappresentata nella sua totalità dalla curva della popolazione totale.

Il fatto che con tre configurazioni diverse di coefficienti sia sempre stato raggiunto un punto di equilibrio ci porta a poter discutere con più convinzione l'esistenza di un punto di equilibrio asintoticamente stabile del modello SEIRS. Per questa ragione ha senso procedere su questa strada, continuando ad effettuare test numerici di diverso tipo per cercare di sostenere questa teoria. Come abbiamo fatto nella sezione precedente, cerchiamo quindi di capire cosa succede prendendo una dinamica stabile e andandone a variare i dati iniziali perturbandoli. Come riferimento prendiamo il sistema relativo al **Grafico 9**, in quanto più bilanciato come veridicità dei coefficienti e rapidità di convergenza verso l'equilibrio.

Iniziamo perturbando leggermente i dati iniziali e cambiando la popolazione totale iniziale. Poniamo $s_0 = e_0 = i_0 = 300$ e $r_0 = 1000$, ovvero supponiamo da un punto di vista epidemiologico di iniziare a studiare il sistema con l'endemia già in corso. La dinamica che ne risulta è la seguente.

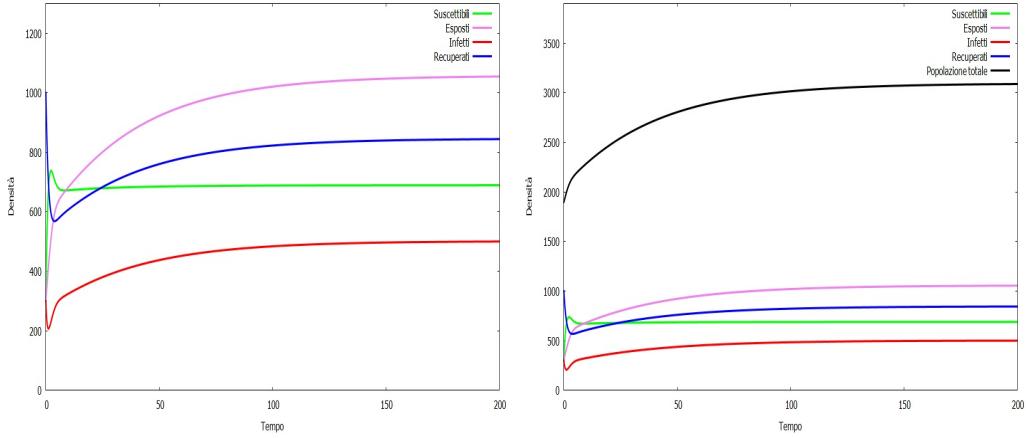


Grafico 12: In figura il sistema del **Grafico 9** con dati iniziali perturbati.
Il comportamento ottenuto è estremamente simile.

Perturbando il sistema possiamo notare come il **Grafico 12** sia sostanzialmente uguale al **Grafico 9**, salvo chiaramente i primi anni dello studio. A questo punto è più che logico pensare, a fronte dei diversi test effettuati, che il sistema sia effettivamente dotato di un punto di equilibrio localmente asintoticamente stabile, o che almeno lo sia sotto alcune ipotesi sui coefficienti. Tuttavia possiamo dire anche di più. Prendiamo nuovamente il sistema che genera il **Grafico 9**. Questa volta cerchiamo di capire cosa succede cambiando di molto i valori iniziali. Partiamo ad esempio da $s_0 = 900$, $e_0 = 1700$, $i_0 = 1900$ e $r_0 = 2300$.

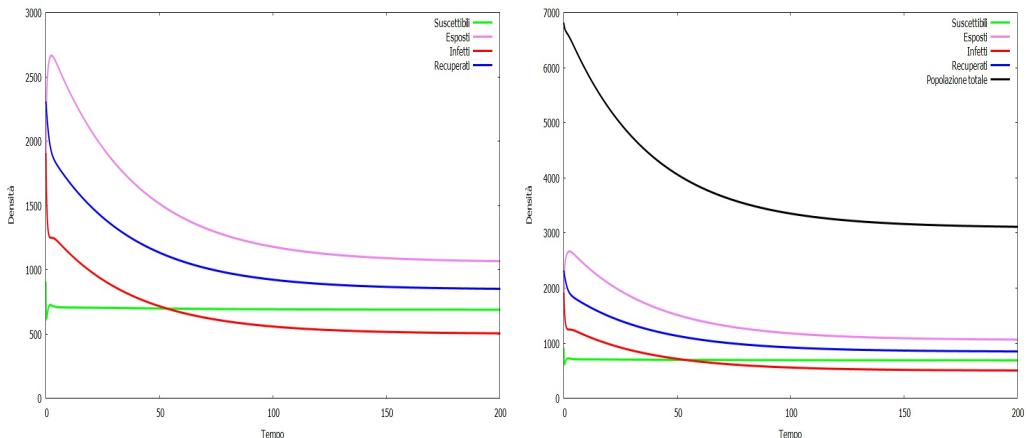


Grafico 13: In figura il sistema del **Grafico 9** con dati iniziali estremamente diversi.

In questo caso la popolazione totale iniziale è di molto più grande. Tuttavia la dinamica che ne scaturisce descrive una curva monotona decrescente che converge verso lo stesso valore di equilibrio dei **Grafici 9 e 12**. Lo stesso discorso può essere applicato alle curve di esposti, infetti e recuperati dopo i primi anni. Anche in questo caso quindi il sistema converge verso un punto di equilibrio. Non solo: i **Grafici 9, 12 e 13** convergono esattamente allo stesso punto di equilibrio, nonostante i dati iniziali dell'ultimo di questi siano molto distanti dagli altri. A questo punto siamo arrivati ad una conclusione importante: possiamo postulare l'esistenza e l'unicità di un punto di equilibrio globalmente asintoticamente stabile, anche se probabilmente sarà necessario porre delle condizioni sui coefficienti affinché questo sia vero. Inoltre i test numerici che abbiamo studiato ci dicono molto di più di esistenza e unicità. Infatti tramite i grafici noi possiamo risalire ad un'approssimazione del punto di equilibrio stesso. Supponendo infatti di cercare le traiettorie a partire dai dati iniziali $s_0 = 690$, $e_0 = 1054$, $i_0 = 500$ e $r_0 = 844$, il risultato ottenuto è il seguente.

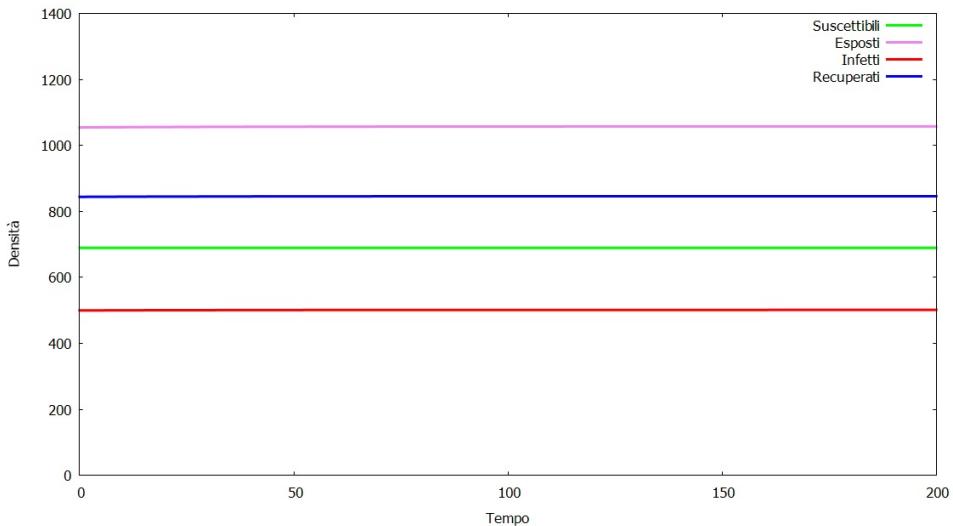


Grafico 14: Le curve quasi del tutto piatte generate dalla scelta del dato iniziale indicano come questo rappresenti un buona approssimazione del punto di equilibrio del sistema.

Le popolazioni dei vari compartimenti si mantengono costanti durante tutto il periodo, dimostrando che il dato iniziale scelto può essere considerato un'approssimazione del punto di equilibrio del sistema.

In definitiva siamo stati in grado di trarre delle importanti proprietà del modello SEIRS generico senza avventurarci in calcoli e teoremi complessi.

Non solo siamo arrivati a discutere riguardo la possibile esistenza di punti di equilibrio, ma siamo anche arrivati ad individuarlo tramite le simulazioni numeriche. Va chiaramente specificato che tutti i risultati raggiunti sono solo degli elementi da cui partire per un vero studio analitico del sistema (1), poiché altrimenti si rischierebbe di affermare il falso. Tuttavia, per sistemi complessi come quello in questione, a volte i risultati numerici sono abbastanza affidabili da essere accettati come veri.

4 Conclusioni

Tutte le analisi effettuate nell'elaborato ci hanno consentito di giungere ad alcune conclusioni che riassumeremo qui di seguito.

All'inizio abbiamo sfruttato la divisione compartmentale della popolazione che, come abbiamo visto, si è rivelata una tecnica estremamente valida nel caso si vogliano rappresentare le interazioni tra soggetti divisibili per caratteristiche comuni (nel nostro caso la caratteristica era l'esperienza con la malattia). Abbiamo quindi introdotto uno tra i modelli epidemiologici più semplici, il modello SIR, e siamo riusciti a studiarne gli equilibri.

Sulla falsariga di quanto fatto per il SIR, ci siamo preposti come obiettivo di ottenere un sistema molto più complesso che possa essere utilizzato in una gamma più ampia di contesti: abbiamo costruito il modello SEIRS generico. Sempre basandoci su quanto fatto nel primo capitolo, abbiamo svolto degli studi analitici al fine di raggiungere delle importanti conclusioni riguardo la stabilità del nuovo sistema. Per farlo, siamo ricorsi all'aggiunta di alcune ipotesi sui coefficienti del sistema e sulla popolazione totale.

Infine abbiamo voluto soppiare alla mancanza di una vera analisi del sistema per il modello SEIRS generico, senza doverci ridurre a casi più semplici, tramite il supporto di simulazioni numeriche. Ciò ci ha permesso non solo di discutere l'esistenza di un equilibrio del sistema, ma anche di postulare che tale equilibrio possa essere asintoticamente stabile. Siamo arrivati a supporre che il punto possa essere, in alcune configurazioni dei coefficienti, globalmente asintoticamente stabile. Questo è auspicabile tanto in campo matematico quanto in campo epidemiologico: infatti sapere che il sistema raggiungerà sempre un equilibrio permette di introdurre nel modello dei possibili metodi di precauzione da far adottare alla popolazione e di controllarne gli effetti sul punto di equilibrio raggiunto.

Pertanto possiamo concludere che il modello costruito, anche se difficile da studiare matematicamente, rimane estremamente valido e le sue caratteristiche lo rendono un ottimo sostituto anche dei principali sistemi che vengono già usati e studiati in questo ambito.

A Modello_SEIRS

Di seguito riportiamo il codice utilizzato per svolgere le simulazioni relative al modello SEIRS. Il linguaggio di programmazione adoperato per scrivere l'algoritmo è c. Il sistema implementato è quello costruito nella prima sezione del secondo capitolo, così da poter avere una maggiore possibilità di scelta sui coefficienti e, di conseguenza, sulle possibili situazioni da studiare. Per le simulazioni è stato utilizzato un metodo Runge-Kutta a 4 stadi, riportato per esteso tra le funzioni.

Infine specifichiamo due cose: in programmazione si utilizza spesso la lettera i per indicizzare i vettori, pertanto gli infetti saranno indicati con la lettera m ("malati"); nel codice sono stati omessi tutti i controlli sui dati in input, come ad esempio la positività dei coefficienti o delle densità stesse, e non sono presenti neanche i comandi di grafica, pertanto il programma si limiterà a calcolare e salvare su opportuni vettori tutti i dati necessari a tracciare le traiettorie.

```
// #include <librerie necessarie>

#define nmax 5000

int main(){
    int n;
    double tin,T,s[nmax],e[nmax],m[nmax],r[nmax],beta,alpha,deltas,mus,
           epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,deltar,mur;
    scelta_dati(tin,T,s[0],e[0],m[0],r[0],n);
    scelta_coefficienti(beta,alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,
                         gamma,deltam,mum,deltar,mur);
    RK((T-tin)/n,n,s,e,m,r,beta,alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,
        gamma,deltam,mum,deltar,mur);
}

// in scelta_dati vengono definiti i dati iniziali e i parametri necessari
// per utilizzare il metodo Runge-Kutta
void scelta_dati(double &tin,double &T,double &s,double &e,double &m,
                 double &r,int &n){
    printf("\nScrivere gli estremi t0 e T dell' intervallo di tempo in cui
           calcolare la traiettoria\n");
    scanf("%lf\t%lf",&tin,&T);
    printf("\nInserire le componenti del dato iniziale
           s(t0) e(t0) m(t0) r(t0)\n");
    scanf("%lf\t%lf\t%lf\t%lf",&s,&e,&m,&r);
    printf("\nInserire il numero di passi\n");
    scanf("%d",&n);
    printf("\nIl tempo che intercorre tra un passo e il successivo e'
          h=%lf\n", (T-tin)/n);
    if((T-tin)/n>=1){
        printf("\n\n!!!ATTENZIONE: h RISULTA SUPERIORE A 1, PERTANTO LA
```

```

        TRAIETTORIA CALCOLATA POTREBBE ESSERE POCO AFFIDABILE!!!\n\n");
    }
    return;
}

// in scelta_coefficienti vengono definiti tutti i coefficienti del sistema
void scelta_coefficienti(double &beta,double &alpha,double &deltas,
    double &mus,double &epsilon,double &deltae,double &mue,
    double &gamma,double &deltam,double &mum,double &deltar,
    double &mur){
    printf("\nInserire il valore del coefficiente beta:\n");
    scanf("%lf",&beta);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente alpha:\n");
    scanf("%lf",&alpha);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente deltas:\n");
    scanf("%lf",&deltas);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente mus:\n");
    scanf("%lf",&mus);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente epsilon:\n");
    scanf("%lf",&epsilon);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente deltae:\n");
    scanf("%lf",&deltae);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente mue:\n");
    scanf("%lf",&mue);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente gamma:\n");
    scanf("%lf",&gamma);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente deltam:\n");
    scanf("%lf",&deltam);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente mum:\n");
    scanf("%lf",&mum);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente deltar:\n");
    scanf("%lf",&deltar);
    printf("\nInserire il valore del coefficiente mur:\n");
    scanf("%lf",&mur);
}

// f restituisce in output il risultato dell'espressione del campo indicata
// dalla variabile comp
double f(double s,double e,double m,double r,int comp,double beta,
    double alpha,double deltas,double mus,double epsilon,
    double deltae,double mue,double gamma,double deltam,
    double mum,double deltar,double mur){
    switch(comp){
        case 1: return (-beta*s*m+alpha*r+deltas*(s+e+m+r)-mus*s); break;
        case 2: return (beta*s*m-epsilon*e+deltae*(s+e+m+r)-mue*e); break;
        case 3: return (epsilon*e-gamma*m+deltam*(s+e+m+r)-mum*m); break;
        case 4: return (gamma*m-alpha*r+deltar*(s+e+m+r)-mur*r); break;
    }
}

// RK implementa il piu' comune metodo Runge-Kutta a 4 stadi in dimensione 4
// e scrive sui vettori s,e,m,r le traiettorie che descrivono
void RK(double h,int n,double s[nmax],double e[nmax],double m[nmax],
    double r[nmax],double beta,double alpha,double deltas,
    double mus,double epsilon,double deltae,double mue,
    double gamma,double deltam,double mum,double deltar,

```

```

    double mur){
double k[16];
for(int i=0;i<n;i++){
k[0]=f(s[i],e[i],m[i],r[i],1,beta,alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,
        mue,gamma,deltam,mum,deltar,mur);
k[1]=f(s[i],e[i],m[i],r[i],2,beta,alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,
        mue,gamma,deltam,mum,deltar,mur);
k[2]=f(s[i],e[i],m[i],r[i],3,beta,alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,
        mue,gamma,deltam,mum,deltar,mur);
k[3]=f(s[i],e[i],m[i],r[i],4,beta,alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,
        mue,gamma,deltam,mum,deltar,mur);
k[4]=f(s[i]+h/2*k[0],e[i]+h/2*k[1],m[i]+h/2*k[2],r[i]+h/2*k[3],1,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[5]=f(s[i]+h/2*k[0],e[i]+h/2*k[1],m[i]+h/2*k[2],r[i]+h/2*k[3],2,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[6]=f(s[i]+h/2*k[0],e[i]+h/2*k[1],m[i]+h/2*k[2],r[i]+h/2*k[3],3,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[7]=f(s[i]+h/2*k[0],e[i]+h/2*k[1],m[i]+h/2*k[2],r[i]+h/2*k[3],4,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[8]=f(s[i]+h/2*k[4],e[i]+h/2*k[5],m[i]+h/2*k[6],r[i]+h/2*k[7],1,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[9]=f(s[i]+h/2*k[4],e[i]+h/2*k[5],m[i]+h/2*k[6],r[i]+h/2*k[7],2,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[10]=f(s[i]+h/2*k[4],e[i]+h/2*k[5],m[i]+h/2*k[6],r[i]+h/2*k[7],3,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[11]=f(s[i]+h/2*k[4],e[i]+h/2*k[5],m[i]+h/2*k[6],r[i]+h/2*k[7],4,beta,
        alpha,deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,
        deltar,mur);
k[12]=f(s[i]+h*k[8],e[i]+h*k[9],m[i]+h*k[10],r[i]+h*k[11],1,beta,alpha,
        deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,deltar,
        mur);
k[13]=f(s[i]+h*k[8],e[i]+h*k[9],m[i]+h*k[10],r[i]+h*k[11],2,beta,alpha,
        deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,deltar,
        mur);
k[14]=f(s[i]+h*k[8],e[i]+h*k[9],m[i]+h*k[10],r[i]+h*k[11],3,beta,alpha,
        deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,deltar,
        mur);
k[15]=f(s[i]+h*k[8],e[i]+h*k[9],m[i]+h*k[11],r[i]+h*k[11],4,beta,alpha,
        deltas,mus,epsilon,deltae,mue,gamma,deltam,mum,deltar,
        mur);
s[i+1]=s[i]+h*(k[0]+2*k[4]+2*k[8]+k[12])/6.000000;
if(s[i+1]<0{
    s[i+1]=0;
}
e[i+1]=e[i]+h*(k[1]+2*k[5]+2*k[9]+k[13])/6.000000;
if(e[i+1]<0{
    e[i+1]=0;
}
m[i+1]=m[i]+h*(k[2]+2*k[6]+2*k[10]+k[14])/6.000000;
if(m[i+1]<0{
    m[i+1]=0;
}

```

```
    }
    r[i+1]=r[i]+h*(k[3]+2*k[7]+2*k[11]+k[15])/6.000000;
    if(r[i+1]<0){
        r[i+1]=0;
    }
    return;
}
```

Riferimenti bibliografici

- [1] Bernoulli D. - *Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole, & des avantages de l'inoculation pour la prévenir*, Mémoires de Mathématique et de Physique, tirés des registres de l'Académie Royale des Sciences de l'année 1760, pp. 1-45, 1766
- [2] Hale J. K. - *Ordinary Differential Equations*, Krieger Publishing Company, Malabar, Florida, 1980
- [3] Liu W.-M., Hethcote H. W., Levin S. A. - *Dynamical behavior of epidemiological models with nonlinear incidence rates*, Journal of Mathematical Biology, Vol. 25, pp. 359-380, Springer-Verlag, 1987
- [4] Mascia C., Montefusco E., Terracina A. - *Biomat 1.0*, La Dotta, 2018
- [5] Nagrath I. J., Gopal M. - *Control System Engineering*, New Age International Publisher, 2006
- [6] Batista A. M., de Souza S. L. T., Iarosz K. C., Almeida A. C. L., Szezech Jr J. D., Gabrick E. C., Mugnaine M., dos Santos G. L., Caldas I. L. - *Simulation of deterministic compartmental models for infectious diseases dynamics*, arXiv:2106.02085v1 [q-bio.PE], 2021
- [7] Buttà P., Negrini P. - *Note del corso di Meccanica Razionale (Collana Studi Matematici)*, Edizioni Nuova Cultura, 2012
- [8] *Modelli matematici in epidemiologia* (24/06/2023), Wikipedia, L'encyclopedia libera, 2023
- [9] Quarteroni A., Sacco R., Saleri F., Gervasio P. - *Matematica Numerica*, Springer-Verlag, Vol. 77, 4a edizione, 2014
- [10] Fan X., Wang L., Teng Z. - *Global dynamics for a class of discrete SEIRS epidemic models with general nonlinear incidence*, Advances in difference equations, Vol. 2016,1 (2016): 123, 2016
- [11] Pugliese A. - *Modelli di epidemie*, 2008
- [12] Falcone M. - *Lezione del 18/05/2022*, 2022
- [13] *Mathematical Modeling for CoronaVirus I: SI, SIR and SEIR Models*, 2023,
 $\ll \text{https://www.math.uci.edu/~chenlong/CAMtips/Coronavirus/MathModelCoV19.html} \gg$

- [14] Hethcote H. W. - *Qualitative analyses of communicable disease models*, Mathematical Biosciences, Vol. 28, n. 3, pp. 335-356, 1976
- [15] Kermack W. O., McKendrick A. G. - *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*, Proceedings of the Royal Society of London, series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character 115, Vol. 772, pp. 700–721, 1927,
 $\ll \text{http://www.jstor.org/stable/94815} \gg$