

Modelli di mutua interazione

Francesca Pistolato

Indice

1	Definizione del problema e simulazioni	1
2	Buona positura del sistema	2
	Lista dei codici	3

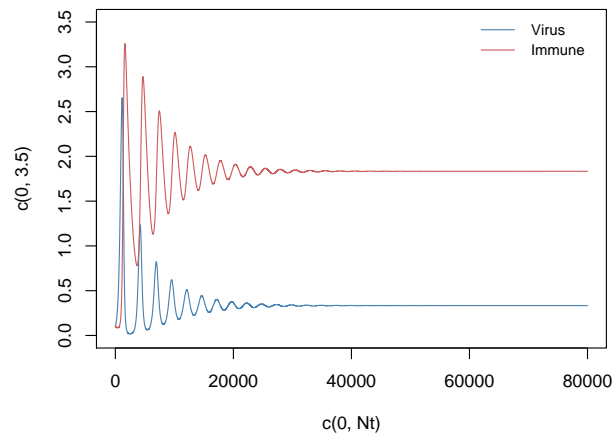
1 Definizione del problema e simulazioni

Mi sono dedicata allo studio del seguente modello:

$$\begin{cases} dV_t = (\beta - a - pI_t) V_t dt + V_t(V_{\max} - V_t)dW_t \\ dI_t = (cV_t - b) I_t dt \\ V_0 = v_0, I_0 = i_0 \end{cases}, \quad (1)$$

con V_{\max} dato e $v_0, i_0 \in (0, +\infty)$. Per brevità, poniamo $q := \beta - a$. I parametri scelti sono quelli che nel caso deterministico producono la seguente simulazione.

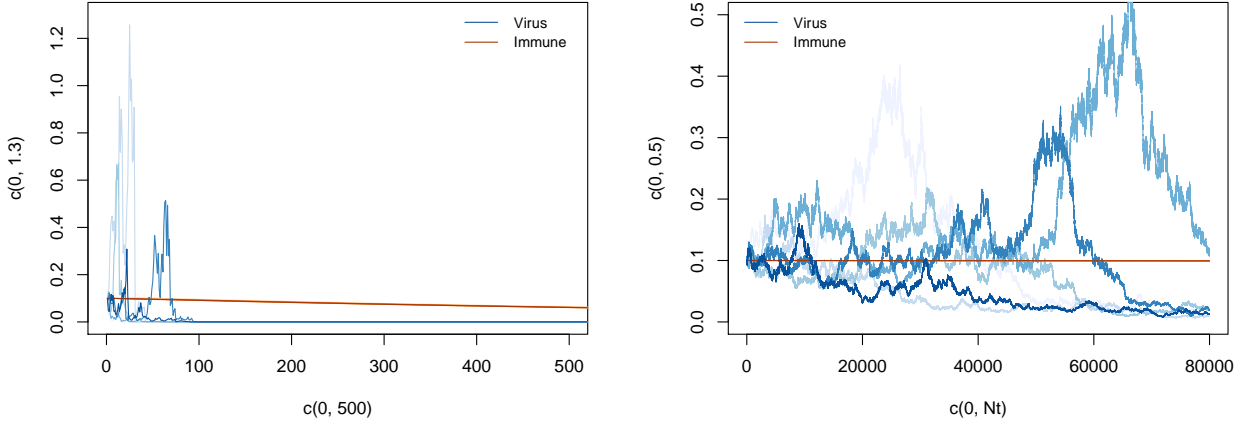
Figura 1: Simulazione ottenuta con il Codice 1.



Introducendo il rumore, possiamo incorrere in alcune traiettorie negative per la carica virale. Si veda la Figura 2. Perciò ho provato due diverse strategie. La prima (a sinistra) è stata forzare la positività ribaltando il valore rispetto all'asse x , con la funzione modulo. La seconda (a destra) è stata diminuire il passo temporale.

In entrambi i casi osserviamo che la positività delle traiettorie viene mantenuta e che sparisce l'andamento oscillatorio dovuto all'interazione fra le due popolazioni. La risposta immunitaria

Figura 2: A sinistra simulazione ottenuta con il Codice 2, a destra con il Codice 3.



si stabilizza da subito intorno al suo valore iniziale, mentre la carica virale può avere comportamenti molto diversi. Osserviamo che forzare la positività induce la carica virale a essere neutralizzata molto velocemente dal sistema immunitario. Nel secondo caso, invece, quasi tutte le traiettorie della carica virale arrivano ad annullarsi, ma sono precedute da uno o più periodi di infezione acuta.

2 Buona positura del sistema

In seguito ho studiato la buona positura del sistema. Dato che il termine di diffusione è solo localmente lipschitziano, abbiamo solo localmente esistenza forte e unicità “pathwise” (Theorem 5, Chapter 1). Sia $X_t^{x_0} = (V_t, I_t)$ la soluzione con condizione iniziale $x_0 = (v_0, i_0) \in (0, +\infty)^2$ definita per $t \in [0, T]$.

Step 1 (positività delle traiettorie). Proviamo che V_t e I_t sono strettamente positivi per ogni $t \in [0, T]$. Consideriamo il tempo d’arresto

$$\tau_R := \inf \{ t \leq T : \| X_t \|_2 \geq R \}.$$

Mostriamo equivalentemente che per $t < \tau_0 := \inf \{ t \leq \tau : V_t \leq 0 \}$ il processo $\log V_t$ è limitato da una costante dipendente solo da R e perciò $\tau_0 = \tau_R$. Infatti

$$\begin{aligned} d \log V_t &= \frac{1}{V_t} dV_t - \frac{1}{2V_t^2} d[V]_t \\ &= (q - pI_t)dt + (V_{\max} - V_t)dW_t - \frac{1}{2}(V_{\max} - V_t)^2 dt \end{aligned}$$

che in modulo è controllato da una costante R -dependent per $t \leq \tau_0$. Dunque $\inf_{t \leq \tau_0} V_t$ è strettamente positivo e dunque $\tau_0 = \tau_R$. Allo stesso modo, per I_t , se $\tau_0 := \inf \{ t < \tau : I_t \leq 0 \}$ si ha che

$$d \log I_t = (cV_t - b)dt,$$

che è limitato se $t \leq \tau_R$, e dunque vale lo stesso ragionamento fatto per V_t . Dato che R è arbitrario, $X_t^{x_0}$ si mantiene nel primo quadrante per ogni $t \leq T$.

Step 2 (limitazione a priori). Proviamo che $V_t < V_{\max}$ per $t \in [0, T]$. Segue da un ragionamento analogo a quello dello Step 1, solo considerando il processo $Y_t = V_{\max} - V_t$. Finché

$t < \tau_0 = \inf \{ t \leq \tau_R : Y_t \leq 0 \}$, valgono le seguenti uguaglianze:

$$\begin{aligned} dY_t &= -(q - pI_t)V_t dt - V_t(V_{\max} - V_t)dW_t, \\ d \log Y_t &= -(q - pI_t)\frac{V_t}{V_{\max} - V_t} dt - V_t dW_t - \frac{1}{2}V_t^2 dt \end{aligned}$$

Se $V_{\max} \geq 2$, allora finché $t \leq \tau_0$ è vero che $\left| \frac{V_t}{V_{\max} - V_t} \right| = \frac{V_t}{V_{\max} - V_t} \leq R$. Perciò per tempi t con la detta limitazione, otteniamo che $\inf_{t \leq \tau_0} |\log Y_t|$ è limitato da una costante che dipende solo da R . Perciò $\inf_{t \leq \tau_0} Y_t$ è strettamente positivo e dunque $\tau_R = \tau_0$, cioè $V_t \leq V_{\max}$. Da questo ricaviamo anche una limitazione anche per I_t dato che $dI_t \leq (cV_{\max} - b)dt$.

Step 3 (strong existence e pathwise uniqueness globali). Abbiamo ottenuto che $\|X_t^{x_0}\|_2$ è limitata per ogni $t \in [0, T]$ e $x_0 \in (0, +\infty)^2$. Possiamo perciò promuovere a globale l'esistenza locale di soluzioni forti e uniche "pathwise".

Step 4 (path-by-path existence? uniqueness?) Ha senso parlare di esistenza path-by-path? Abbiamo dato la definizione solo per coefficienti di diffusione indipendenti da (t, x) , così da essere sicuri che per quasi ogni ω il processo $\sqrt{Q}W_t$ avesse traiettorie continue (Definition 4, Chapter 1). Credo che nel nostro caso si possa fare altrettanto, dal momento che la limitazione su V_t ci permette di concludere che l'integrale stocastico

$$\int_0^t V_s(V_{\max} - V_s)dW_s$$

è una martingala: ne esiste perciò una versione continua.

Lista dei codici

1	deterministico.R	3
2	aleatorio1.R	4
3	aleatorio2.R	5

Codice 1: deterministico.R

```

1 # Modello deterministico
2 # Parametri
3 {
4   N=10; Nt=80000; dt=0.009
5   lam=1; d=0.1; beta=0.1; a=0.2
6   p=0.3; c=0.3; b=0.1
7 }
8 # Valori iniziali
9 {
10  S=1:Nt; I=S; CTL=S
11  S[1]=5; I[1]=0.1; CTL[1]=0.1
12 }
13 # Metodo di Eulero
14 {
15   for (t in 1:(Nt-1)){
16     S[t+1] = S[t] + dt*(lam - d*S[t] - beta*S[t]*V[t])
17     V[t+1] = I[t] + dt*V[t]*(beta*S[t] - a*V[t] - p*I[t])
18     I[t+1] = I[t] + dt*I[t]*(c*V[t] - b)
19   }

```

```

20 }
21 # Plot
22 {
23   plot(c(0,Nt),c(0,3.5), type="n")
24   lines(V,col="steelblue")
25   lines(I,col="indianred")
26   legend("topright",legend = c("Virus","Immune"), col=c("
      steelblue","indianred"),lty=rep(1,2),horiz=FALSE, bty='n',
      cex=0.8)
27 }
28 #

```

Codice 2: aleatorio1.R

```

1 # Modello aleatorio con ribaltamento delle traiettorie negative
2 # Parametri
3 {
4   Nt = 80000; dt = 0.01; Nsample = 6
5   lam=1; d=0.1; beta=0.1; a=0.2;
6   p=0.3; c=0.3; b=0.1
7   nat = (beta*lam*c)/(beta*b+c*d); mor = a
8   sc = (lam*c)/(beta*b+c*d) # Valore di S all'equilibrio
9   sigma = 1
10 }
11 # Valori iniziali
12 {
13   V = matrix(0,Nsample,Nt)
14   I = V; Vmax = 5
15   V[,1] = 0.1; I[,1] = 0.1
16 }
17 # Metodo di Eulero con controllo sul numero di traiettorie
   negative
18 {
19   max_rep = 1
20   neq.traj = rep(0,max_rep)
21   for (j in (1:max_rep)) {
22     for (t in (1:(Nt-1))) {
23       V[,t+1] = abs(V[,t] + dt*(nat-mor-p*I[,t])*V[,t] + V[,t]*(
         Vmax-V[,t])*sqrt(dt)*sigma*rnorm(Nsample))
24       I[,t+1] = I[,t] + dt*I[,t]*(c*V[,t]-b)
25     }
26     tmp.neg.traj = rep(0,Nsample)
27     for (i in (1:Nsample)) {
28       tmp.neg.traj[i] = sum(V[i,]<0)+sum(I[i,]<0)
29     }
30     neq.traj[j] = sum(tmp.neg.traj>0)
31   }
32   print('In media le traiettorie negative sono')
33   print(mean(neq.traj))
34 }
35 # Plot

```

```

36 {
37   plot(c(0,500),c(0,1.3),type="n")
38   library(RColorBrewer)
39   colV <- brewer.pal(Nsample, "Blues")
40   colI <- brewer.pal(Nsample, "Oranges")
41   legend("topright",legend = c("Virus","Immune"), col=c(colV[
      Nsample],colI[Nsample]),lty=rep(1,2),horiz=FALSE, bty='n',
      cex=0.8)
42   for (i in (1:Nsample)) {
43     lines(I[i,], col = colI[i])
44     lines(V[i,], col = colV[i])
45   }
46 }
47 #

```

Codice 3: aleatorio2.R

```

1 # Modello aleatorio con passo temporale molto piccolo
2 # Parametri
3 {
4   Nt = 80000; dt = 0.000001; Nsample = 6
5   lam=1; d=0.1; beta=0.1; a=0.2;
6   p=0.3; c=0.3; b=0.1
7   nat = (beta*lam*c)/(beta*b+c*d); mor = a
8   sc = (lam*c)/(beta*b+c*d) # Valore di S all'equilibrio
9   sigma = 1
10 }
11 # Valori iniziali
12 {
13   V = matrix(0,Nsample,Nt)
14   I = V; Vmax = 5
15   V[,1] = 0.1; I[,1] = 0.1
16 }
17 # Metodo di Eulero
18 {
19   max_rep = 1
20   neq.traj = rep(0,max_rep)
21   for (j in (1:max_rep)) {
22     # Metodo di Eulero
23     for (t in (1:(Nt-1))) {
24       V[,t+1] = V[,t] + dt*(nat-mor-p*I[,t])*V[,t] + V[,t]*(Vmax-
         V[,t])*sqrt(dt)*sigma*rnorm(Nsample)
25       I[,t+1] = I[,t] + dt*I[,t]*(c*V[,t]-b)
26     }
27     tmp.neg.traj = rep(0,Nsample)
28     for (i in (1:Nsample)) {
29       tmp.neg.traj[i] = sum(V[i,]<0)+sum(I[i,]<0)
30     }
31     neq.traj[j] = sum(tmp.neg.traj>0)
32   }
33   print('In media le traiettorie negative sono')

```

```

34 print(mean(neq.traj))
35 }
36 # Plot
37 {
38   plot(c(0,Nt),c(0,0.5),type="n")
39   library(RColorBrewer)
40   colV <- brewer.pal(Nsample, "Blues")
41   colI <- brewer.pal(Nsample, "Oranges")
42   legend("topright",legend = c("Virus","Immune"), col=c(colV[
      Nsample],colI[Nsample]),lty=rep(1,2),horiz=FALSE, bty='n',
      cex=0.8)
43   for (i in (1:Nsample)) {
44     lines(I[i,], col = colI[i])
45     lines(V[i,], col = colV[i])
46   }
47 }
48 #

```