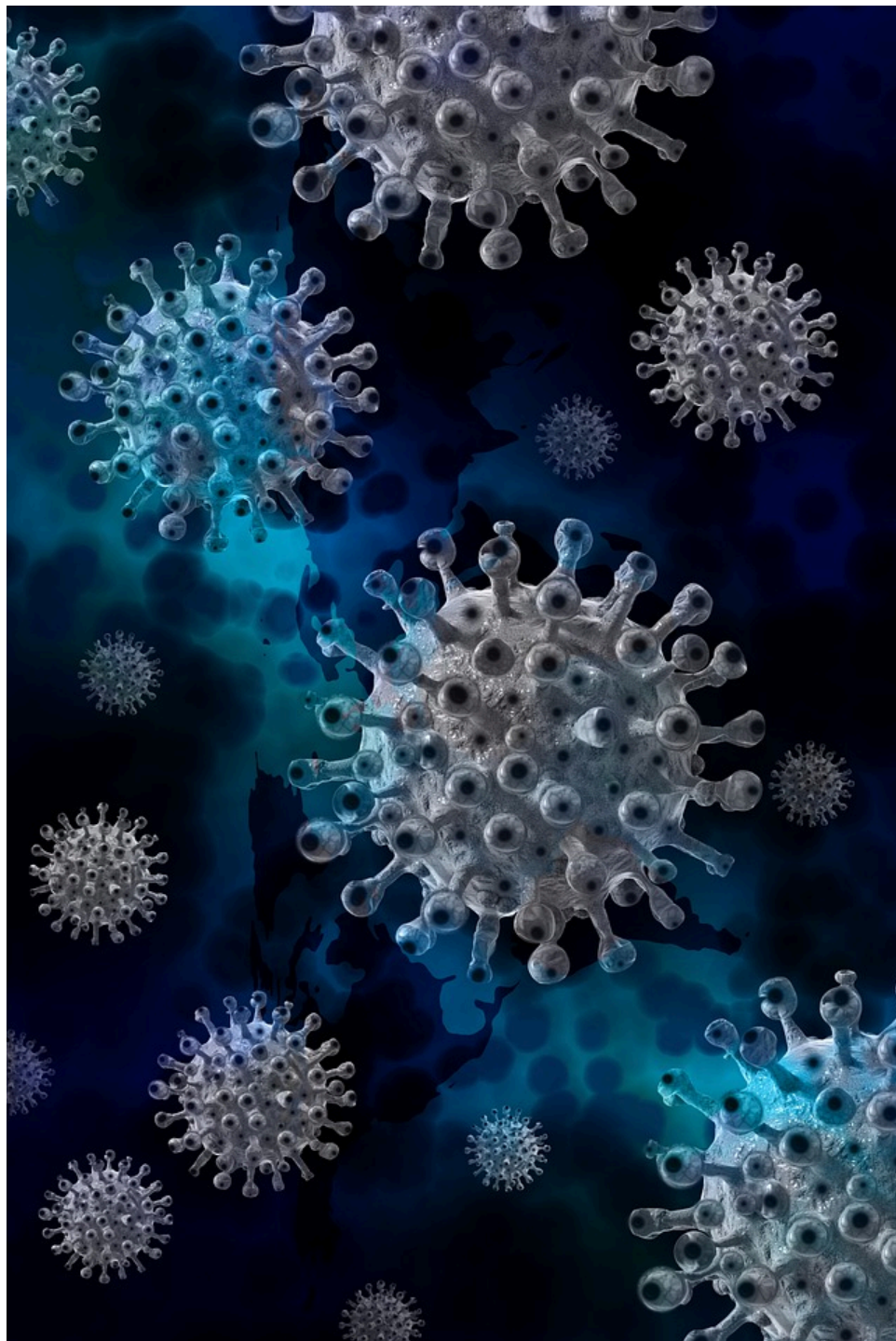


Modelli per le epidemie 3.0

Questo laboratorio è stato sviluppato da ... in collaborazione con il professor Eugenio Montefusco (*La Sapienza* di Roma), il progetto è stato coordinato dal docente Gualtiero Grassucci (Iss G.B. Grassi di Latina).

FOTO COPERTINA



<https://pixabay.com/it/illustrations/corona-coronavirus-virus-covid-19-5401250/>

Introduzione

Un modello, dal latino *modulus*, (diminutivo di *modus*, misura) è una descrizione parziale della realtà, che si sofferma su un particolare fenomeno utilizzando la matematica per permetterne un'accurata analisi. I modelli vengono utilizzati per rendere la *porzione* di realtà considerata più

controllabile e manipolabile. La loro costruzione è una parte essenziale della nostra interazione con il mondo e la base dell'indagine scientifica.

I modelli matematici hanno come componenti costanti, variabili, funzioni, equazioni e simili, tutto allo scopo di effettuare previsioni quanto più fedeli possibili sullo stato in cui si presenterà il sistema considerato in un dato momento nel futuro. In particolare, un modello epidemiologico è un modello matematico che descrive l'andamento di un'epidemia, considerando alcune delle sue caratteristiche specifiche, come la sua probabilità di trasmissione e la mortalità.

LATO PAGINA

Epidemia

Con il termine *epidemia* si intende la diffusione di una malattia infettiva, che si propaga presso un insieme di individui, localizzati in una specifica area geografica, in un determinato lasso di tempo.

Pandemia

Il termine *pandemia* deriva dal greco *pan* (tutto) e *demos* (popolazione): indica la rapida diffusione di una malattia infettiva in più aree geografiche del mondo, coinvolgendo un elevato numero di persone.

La storia dei modelli epidemiologici

Nel corso della storia sono stati ideati e studiati alcuni modelli più o meno efficaci per descrivere l'andamento delle epidemie.

Dal 20° secolo iniziarono a diffondersi i modelli probabilistici e deterministici, a partire dal lavoro di Hamer (1906) e Ross (1911) per la prevenzione della malaria, fino ad arrivare al primo modello differenziale di tipo SIR per l'analisi di malattie infettive, come la peste. Durante questi ultimi anni il mondo ha dovuto affrontare l'epidemia di Covid-19 e per questo il nostro laboratorio propone un percorso di studio di varie tipologie di modelli dalla crescente complessità. Il percorso termina con l'analisi di un modello che può rispecchiare, con i giusti parametri, l'andamento del Covid-19 in un periodo limitato di tempo.

Lo studio dei vari modelli appena menzionati ha permesso di implementare e ottimizzare i programmi di individuazione, prevenzione, terapia e controllo.

Il nostro scopo

Lo scopo di questo laboratorio consiste nel favorire la comprensione delle caratteristiche e delle dinamiche di trasmissione delle malattie infettive epidemiologiche.

Prerequisiti

- Conoscenza elementare delle funzionalità di un foglio di calcolo;
- Conoscenze di Software CAS e grafici (Geogebra 5) per sviluppare e rappresentare i dati;
- Possono essere di aiuto (ma non sono essenziali) anche elementari conoscenze dei concetti di algoritmo, procedura e *coding*.

A lato dei relativi capitoli, link al Toolbox:

- [Calcolo dell'Errore](#)
- [Approssimazione con un Polinomio](#)

Obiettivi

- Comprensione generale dei principali modelli per le Epidemie (SI, SIS, SIR)
- La simulazione come strumento di conoscenza
- Pertinenza del Modello teorico con la Realtà

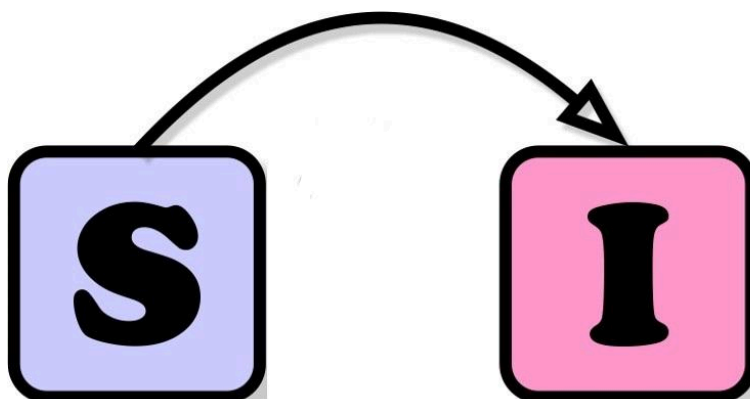
Modello SI

Cos'è un modello *agent-based*?

Un modello *agent-based* è un modello computazionale che simula la realtà semplificandola per comprendere il funzionamento del sistema preso in analisi in modo specifico, simulando le interazioni tra singoli individui (agenti), tenendo conto di alcuni parametri relativi al contesto in cui viene utilizzato. Ad esempio, nel nostro caso, aspetti come la probabilità di contagio, la durata della malattia e la mortalità sono alcuni dei parametri che modificano il comportamento del modello e che possono essere *tarati* per simulare diverse situazioni reali.

Il Modello SI

Il Modello SI è un modello epidemiologico basato sulla divisione della popolazione in due categorie: i *Suscettibili* (S) e gli *Infettivi* (I). I Suscettibili (S) sono le persone che non hanno ancora contratto la malattia, mentre gli infettivi (I) sono coloro che hanno contratto il virus e potrebbero diffonderlo: un suscettibile che entra in contatto con gli infettivi può diventare a sua volta infetto e, di conseguenza, costituire un ulteriore veicolo di diffusione della malattia.



All'interno del modello, si indica con Lambda (λ) la probabilità che un suscettibile venga contagiato quando si presenta un incontro fisico tra due individui appartenenti a compartimenti diversi.

Si indicano con $S(t)$ e $I(t)$, rispettivamente, il numero di Suscettibili e di Infettivi in funzione del tempo t , solitamente espresso in giorni. Principalmente, in questo laboratorio, concentreremo l'attenzione alla funzione $I(t)$.

Modello SI su Geogebra: Che limitazioni presenta?

Visualizziamo meglio la struttura matematica del Modello SI.

Prova a inserire su un Software CAS (come GeoGebra) la seguente lista di punti, ottenuta tramite una simulazione realizzata con un'applicazione appositamente sviluppata.

Il codice in questione ([Modello SI](#)) fornisce risultati che permettono di indagare il comportamento del Modello SI. Se preferisci, puoi ricavare in modo autonomo i dati.

Box a lato: il codice XML per l'applicazione realizzata con Blockly si può scaricare [qui](#), la stessa applicazione è disponibile in Python [qui](#).

Giorni (t)	Infetti (I)
0	2
4	4
8	8
12	20

16	32
20	52
24	78
28	82
32	85
36	96
40	99
44	100
48	100
52	100
56	100
60	100

Sull'asse delle ascisse è rappresentato il tempo t , espresso in giorni; sull'asse delle ordinate è indicato il numero degli infetti I in un determinato giorno t . Probabilmente sarà necessario selezionare la scala 10:1 per il piano cartesiano, in modo che la funzione sia chiaramente visibile.

Se non hai a disposizione un software CAS - di cui torniamo a consigliare l'uso - puoi rappresentare i dati che trovi in questa stessa pagina su un piano cartesiano attraverso Google Fogli.

A livello matematico, il modello SI può essere espresso rigorosamente mediante la seguente funzione che dipende dal tempo:

$$I(t) = \frac{kN \cdot e^{\lambda N t}}{1 + k e^{\lambda N t}} \quad (1) \quad \text{con } k = \frac{I_0}{N - I_0} \quad (2)$$

dove I_0 (2) è il numero di infettivi al tempo $t_0 = 0$, N la popolazione totale (100) e λ (*Lambda*) il tasso di contagio (0.002). Si usa, inoltre, la Costante di Eulero $e \approx 2,71828$.

Box a lato: la stessa funzione si può esprimere come $\frac{kN}{1 + k e^{-\lambda N t}} \quad (3)$, è sufficiente dividere numeratore e denominatore per $e^{\lambda N t} \quad (4)$

Qui potete scaricare un file realizzato con GeoGebra 5 Classic che permette di studiare l'andamento del modello SI scegliendo diversi valori per i parametri N , I_0 , λ . [Modello SI - Geogebra](#)

Osserva il grafico, come varia il numero degli infettivi al passare dei giorni? In particolare, che comportamento ha la funzione per un tempo molto grande? Che significato ha per l'epidemia questo comportamento del modello?

La funzione ha un massimo? *Tende* a un massimo? Quanto vale questo massimo?

Se hai capito, stai iniziando a interpretare il modello, a fare previsioni! Al contrario, se sei in difficoltà puoi leggere le soluzioni in fondo al fascicolo.

Una simulazione più personale

Per sperimentare in prima persona ciò che hai appreso sul Modello SI, ti proponiamo una semplice simulazione da svolgere insieme al tuo gruppo. Il gioco richiede due dadi e un gruppo di persone. Ad ogni individuo viene assegnato un numero identificativo univoco che rimarrà invariato per tutta la simulazione.

Il primo dado (A) deve avere un numero di facce equivalente al numero dei giocatori (per creare dadi personalizzati consigliamo l'utilizzo di rolladie.net), mentre l'altro dado (B) sarà da 100 facce.

Tutti i giocatori iniziano la simulazione come suscettibili, tranne un numero ristretto di individui che costituiranno gli infettivi iniziali, scelti casualmente tra gli individui secondo la quantità indicata nella seguente tabella.

Numero di Partecipanti	Infettivi Iniziali	Lambda (λ)
< 10	1	40%
10-20	2	50%
> 20	2	60%

Terminata la preparazione, ora si può iniziare con il gioco vero e proprio.

Ogni infettivo tira il dado A per selezionare l'individuo con cui interagirà nella *giornata* (il turno di gioco) in corso. Se il secondo individuo è un altro infettivo, il suo turno è terminato.

Ad esempio Carlo, che era stato scelto come unico infettivo iniziale in un gruppo di 9 persone, tira il dado A che fornisce come risultato 8. Questo significa che oggi interagirà con Francesco, numero 8, con possibilità di contagiarlo.

Ogni infettivo, se è venuto a contatto con un suscettibile, tira il dado B. Per sapere se il contagio è avvenuto o meno, si verifica se il risultato del lancio è maggiore rispetto al valore di Lambda (λ), selezionato in base al numero di partecipanti.

Carlo, tirando il dado B, ottiene come risultato 23. Consultando la tabella, si riscontra che il valore ottenuto è inferiore alla probabilità di contagio per 9 persone (40%). Pertanto, Francesco è scampato al contagio e resta nel gruppo dei suscettibili (S).

Quando ogni infettivo ha giocato, la giornata è terminata. Riporta il numero della giornata (1, 2, ...) e il numero di infettivi corrispondente.

Ripeti la simulazione per un numero sufficiente di giornate, ricorda di tenere traccia del numero di infettivi al termine di ogni giornata.

Si consiglia di giocare almeno 10 giornate per un risultato significativo.

Rappresenta su un piano cartesiano il numero di infettivi in funzione della giornata. A fronte di quanto spiegato nell'introduzione al Modello SI, ritieni che il gioco descriva in modo abbastanza accurato i risultati di questa simulazione?

Per la rappresentazione puoi usare il piano cartesiano che trovi in questa stessa pagina.

Cosa succederebbe se avessi continuato la simulazione per più giornate (per tante giornate)? Che tipo di epidemia descrive il modello SI? Ha un difetto, qualcosa che impedisce al modello di *raccontare* con precisione l'andamento delle malattie (influenza, COVID, ..) che conosci?

Se sei riuscito a rispondere ti sarai reso conto che c'è bisogno di un modello migliore per descrivere la realtà che abbiamo vissuto in questi ultimi anni.

Modello SIS

Il Modello SIS

Il modello SIS è un'evoluzione del modello SI, che tiene in considerazione anche la possibilità che un infetto possa guarire. Questa evoluzione della malattia è descritta dal parametro Gamma (γ) che misura la possibilità di guarigione di un infettivo. In questo modello non vengono considerati i decessi, in quanto il numero delle persone che non sopravvivono alla malattia è talmente piccolo da risultare irrilevante, come nel caso di un'influenza stagionale. Coloro che guariscono tornano ad essere suscettibili, quindi la malattia non genera immunità.

Ogni giorno, il numero di infetti aumenta di (5) $\Delta I = \lambda \cdot I(t) \cdot S/N$, dove $I(t)$ è il numero attuale di infettivi e S/N la frazione della popolazione che non ha ancora contratto la malattia. Ma questo numero diminuisce anche di $\gamma \cdot I(t)$ (6) a causa delle guarigioni.

Nel complesso, la variazione degli infettivi è $I'(t) = \lambda \cdot I(t) \cdot S/N - \gamma \cdot I(t)$, (7) che può essere anche scritta $I'(t) = \lambda \cdot I(t) \cdot (1 - I/N) - \gamma \cdot I(t)$. (8)

La formula che identifica l'andamento teorico del modello, ottenuta come soluzione della precedente equazione differenziale (la cui risoluzione va oltre lo scopo del nostro fascicolo) è la seguente:

$$I(t) = \frac{k \cdot N \cdot (\lambda - \gamma) \cdot e^{(\lambda - \gamma) \cdot t}}{1 + k \cdot \lambda \cdot e^{(\lambda - \gamma) \cdot t}} \quad (9) \quad \text{dove} \quad k = \frac{I_0}{N \cdot (\lambda - \gamma) - \lambda \cdot I_0} \quad (10)$$

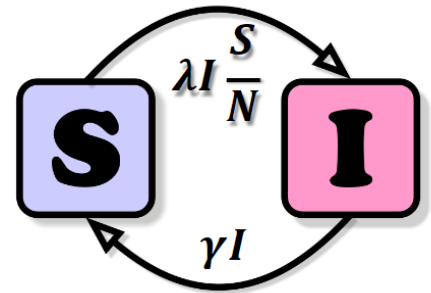
Come si può notare, l'unico nuovo parametro inserito nel sistema è Gamma (γ), vale a dire il tasso di guarigione.

LATO PAGINA

Un **Equazione differenziale** è un'equazione la cui incognita è una funzione matematica della quale, nell'equazione stessa, compaiono una o più derivate. Un esempio è $3y + 7y' = 5$.

Modello SIS su GeoGebra

Prova a inserire la formula precedentemente introdotta che identifica il modello SIS, con un Software CAS (come GeoGebra), su un grafico in cui l'asse delle ascisse rappresenta il tempo t e quello delle ordinate gli infetti I . Per un corretto funzionamento, bisogna inserire prima la definizione di k mostrata precedentemente, $k = I_0 / (N \cdot (\lambda - \gamma) - \lambda \cdot I_0)$, e poi la definizione di $I(t)$. Si creeranno automaticamente quattro slider: Numero totale della popolazione (N), Infetti Iniziali (I_0), Lambda (λ) e Gamma (γ).



Gioca con i parametri del modello modificando il valore degli slider. Cosa noti al variare di ogni singolo parametro? In particolare, cosa succede se Gamma, che rappresenta la probabilità di guarigione di un infettivo, è maggiore di lambda, che invece misura la probabilità di contagio?

Osserva il grafico come hai già fatto per il modello SI.

Come varia il numero degli infetti al passare dei giorni? In particolare, che comportamento assume la funzione per un tempo molto grande? Che significato ha per l'epidemia questo comportamento della funzione (del modello)? Che caratteristiche può avere una patologia descritta dal modello SIS?

Anche se questo modello risolve alcuni difetti del modello precedente, non descrive malattie come il COVID. Abbiamo bisogno di un modello più raffinato!

Modello SIR

Il modello SIR

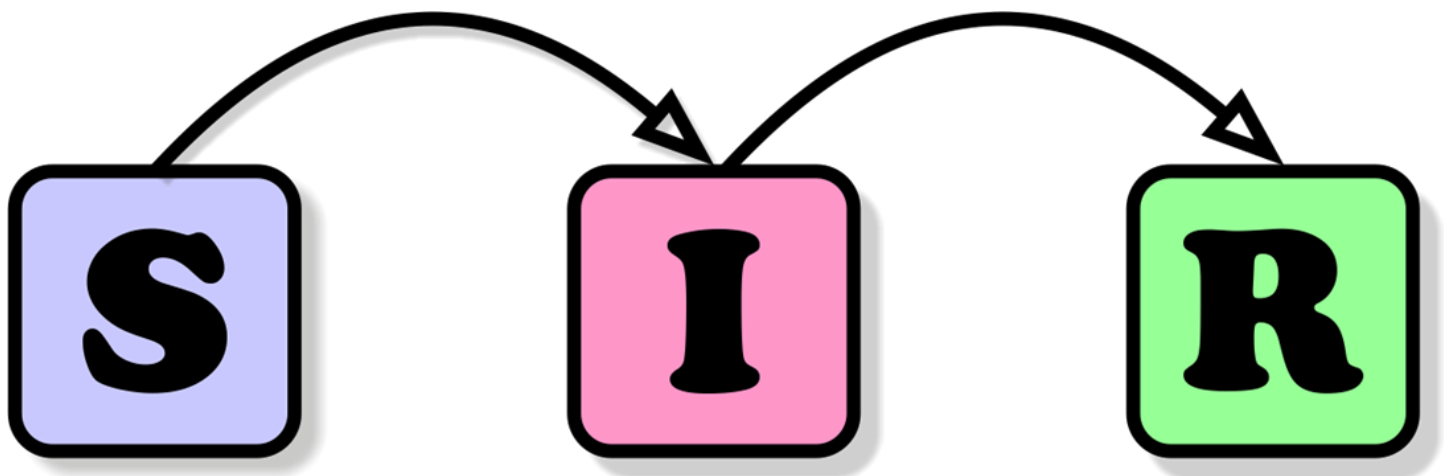
I modelli SI e SIS non prendono in considerazione la rimozione degli infetti a causa di guarigioni o decessi. Il modello SIR, dal nome delle tre categorie in cui viene suddivisa la popolazione interessata dal fenomeno di diffusione, implementa un nuovo stato, una nuova variabile che misura i **rimossi** (R). Gli infetti diventano rimossi nel momento in cui guariscono, acquisiscono l'immunità, restano in isolamento perpetuo, o muoiono. I rimossi non possono tornare nel compartimento dei suscettibili perchè non possono più contrarre la malattia.

Il parametro Gamma (γ), precedentemente indicato come tasso di guarigione, ora costituisce il tasso di rimozione, data la pluralità di fenomeni che portano la rimozione permanente dell'agente. La durata media della malattia è $1/\gamma$.

Ogni giorno, il numero di suscettibili diminuisce di $S'(t) = -\lambda \cdot I(t) \cdot S/N$, (11) in quanto questo è il numero di persone sane che diventano *infettivi*.

Inoltre, una porzione degli infetti è *rimossa* perché deceduta o immune dopo la guarigione. La quantità di individui coinvolti in questo processo è $R'(t) = \gamma \cdot I(t)$. (12)

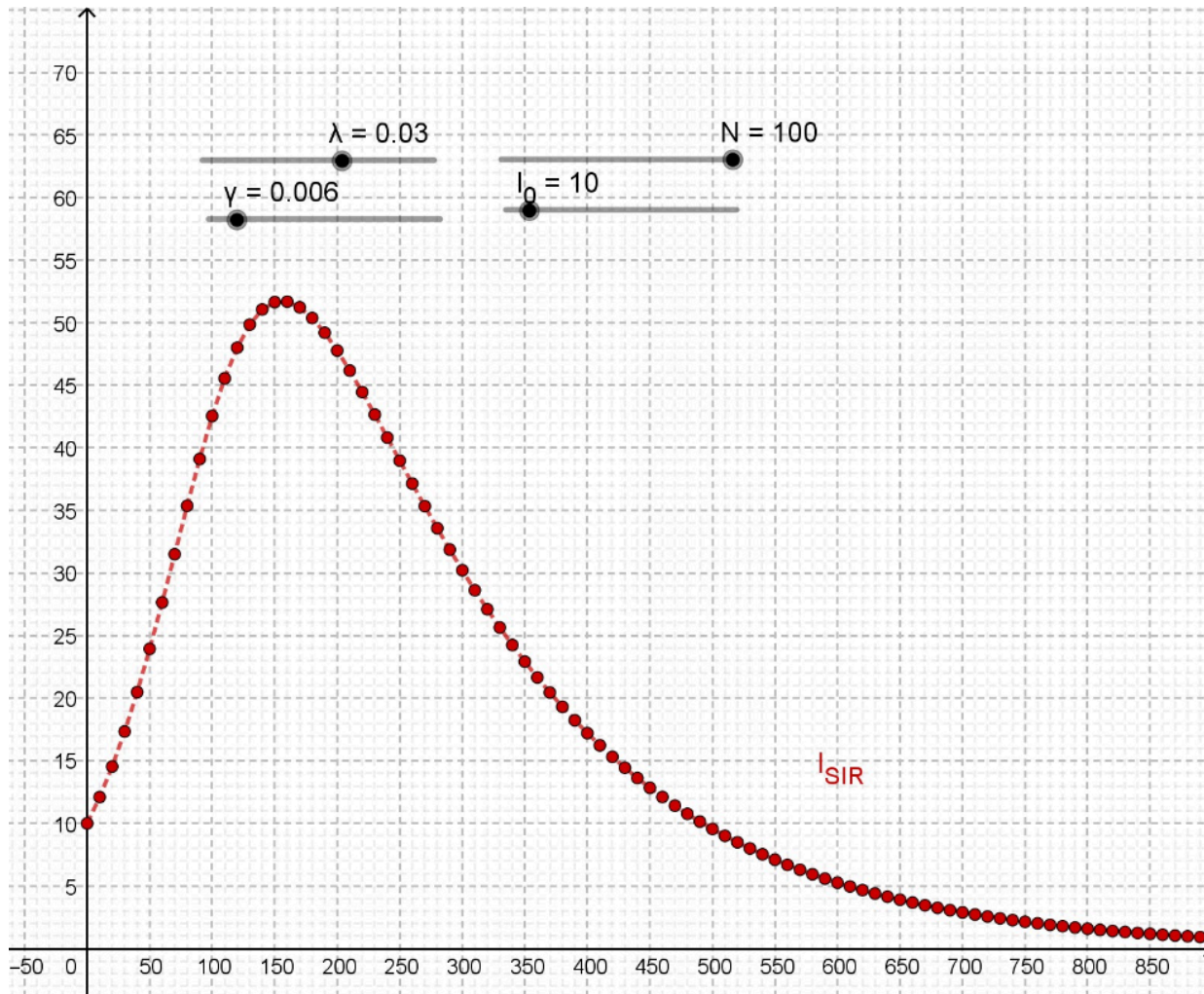
Pertanto, la variazione complessiva degli infetti, ottenuta unendo questi due processi, corrisponde all'equazione differenziale $I'(t) = \lambda \cdot I(t) \cdot S/N - \gamma \cdot I(t)$. (13)



Modello SIR su GeoGebra

Purtroppo, a causa della complessa integrazione formale delle equazioni differenziali prima riportate, la formula del modello SIR è considerevolmente lunga; di conseguenza ci limiteremo

all'osservazione di un grafico specifico che costituisce un esempio del Modello SIR applicato a una popolazione di 100 individui con 10 Infetti iniziali su, λ [lambda] pari a 0.03 (3%) e γ [gamma] di 0.006 (0.6%). Puoi accedere al file attraverso questo [link](#).



Gioca con gli sliders su GeoGebra. Quali differenze noti rispetto ai modelli SI e SIS? Cosa succede al passare del tempo (molto tempo)?

Osservando questo grafico dovrebbe essere ora chiaro cosa intendevano, negli anni 2020-22, epidemiologi ed esperti parlando di *picco* dell'epidemia.

Integrazione numerica

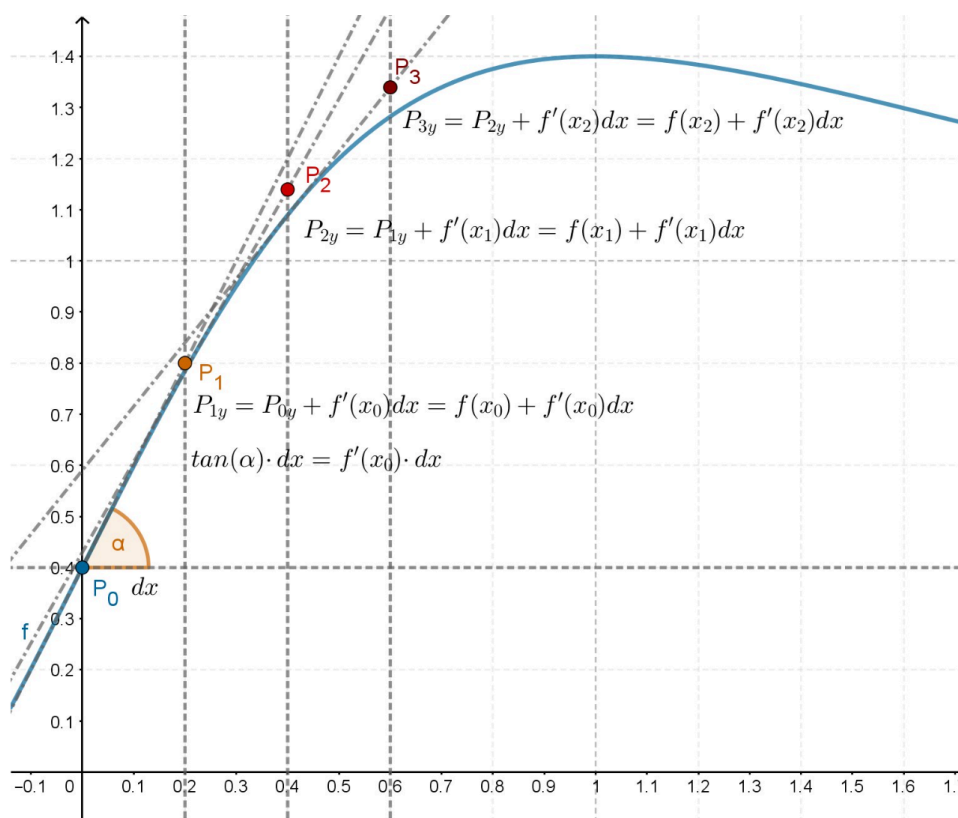
In matematica, la derivata di una funzione indica il suo andamento e la rapidità con cui muta rispetto a una variabile. Un'equazione differenziale, come abbiamo già accennato, è un'equazione nella quale è presente un'incognita e le sue derivate.

Dato che non abbiamo ancora le competenze necessarie per trovare la soluzione *numerica* di un'equazione differenziale, utilizzeremo un procedimento rigoroso che consiste nel calcolo delle coordinate per ciascun punto distante Δx dal precedente a partire da p_0 (nel nostro caso dal primo giorno).

Supponiamo di conoscere la derivata $f'(x)$ di una funzione $f(x)$ e le coordinate di un punto $(x_0, f(x_0))$ di un punto p_0 della funzione. Possiamo approssimare l'ordinata di un punto successivo p_1 della funzione con $f(x_1) = f(x_0) + f'(x_0) \cdot \Delta x$ dove Δx è l'incremento sulle ascisse.

In pratica, abbiamo sommato al valore iniziale della funzione, $f(x_0)$, la sua variazione nell'intervallo Δx . Tale valore corrisponde al prodotto tra la sua derivata $f'(x)$, calcolata nel punto

precedente x_0 , e l'incremento sulle ascisse Δx che, nei modelli analizzati, rappresenta il tempo trascorso.



Il procedimento si può iterare più volte. Si può infatti approssimare l'ordinata di un altro punto p_2 della funzione con $f(x_2) = f(x_1) + f'(x_1) \cdot \Delta x$ dove $f(x_1)$ è il valore calcolato in precedenza.

Il risultato sarà tanto più preciso quanto più Δx è piccolo. Con un numero sufficiente di punti si può ottenere un'opportuna funzione approssimante.

Facciamo ora un esempio per comprendere meglio quanto detto.

Prendiamo una funzione relativamente semplice, $y' = 2y$ e un suo punto $y(0) = 1$. Alla luce di quanto appena spiegato, prova a rappresentare graficamente l'equazione differenziale, calcolando i punti con un incremento di $\Delta x = 0.1$

Il processo risulterà più semplice utilizzando un foglio di calcolo.

Verificate poi nelle soluzioni che i punti trovati siano corretti.

I Dati del COVID

Abbiamo studiato il modello SIR utilizzando, per rappresentarlo su un grafico, dati totalmente teorici. Ora proviamo a riportare questo modello alla realtà, mettendolo a confronto con dati specifici, raccolti in un determinato lasso di tempo sul territorio di Latina.

Questa tabella ([Dati Provincia Latina](#)) mostra il numero di positivi rilevati ogni giorno nella Provincia di Latina nell'arco di circa 10 mesi (24/02/2020 - 6/12/2020). Riporta sul [grafico Geogebra](#) del SIR i dati, otterrai così l'andamento del numero di infetti in funzione del tempo trascorso.

Cosa riesci a dedurre da questo grafico? Dov'è il picco? Assomiglia alla curva del modello SIR già presente sul grafico?

Se i dati non corrispondono alla curva generata dal modello sperimentale, prova a modificare tramite gli *sliders* i valori dei parametri che determinano le caratteristiche della curva.

Riesci a rendere la curva del modello SIR simile alla spezzata aperta che rappresenta i dati reali di Latina? Quale significato assumono i valori dei parametri per i quali le due curve sono sovrapposte?

Approssimazione con un polinomio

Approssimazione e stima dell'errore

Spesso è possibile approssimare una serie di dati attraverso un polinomio di grado n . Tutte le informazioni teoriche e pratiche necessarie per l'utilizzo di questo processo sono fornite nel fascicolo [Toolbox](#), in particolare nella sezione *Metodo classico* del paragrafo 4.

Nota a margine: Il fascicolo [Toolbox](#) ai capitoli 1 e 4 suggerisce rispettivamente alcuni metodi di calcolo dell'errore e approssimazione di una serie di dati con polinomi.

Cerca di approssimare i dati sul grafico del Modello SIR con un polinomio di grado non troppo alto. Tieni presente che un polinomio di grado n ha $n+1$ parametri quindi potrai imporre il passaggio per $n+1$ punti.

La cosa importante è scegliere bene quali punti utilizzare per adattare il polinomio alla spezzata che vedi nel grafico, controllando la qualità del lavoro fatto non solamente dal punto di vista grafico ma anche applicato al fenomeno in analisi.

Stima quindi l'errore del polinomio rispetto alla funzione originale.

Sempre nel [Toolbox](#), stavolta nel paragrafo 1, puoi trovare un metodo semplice di stima dell'errore attraverso gli scarti quadratici.

Un'Applicazione per il Modello SIR con Blockly

Presentazione dell'App e dei suoi Parametri

L'utilizzo manuale del modello al fine di fare previsioni sulla realtà può richiedere molto tempo, considerando che si dovrà tenere conto dello stato sanitario di ogni individuo che costituisce la popolazione presa in esame per tutto il tempo necessario. Risulta, invece, molto più conveniente sfruttare un software che svolga il lavoro per noi, in modo da concentrarci solo sull'analisi del risultato e sulla formulazione di utili conclusioni.

Per funzionare, la applicazione utilizza diversi parametri modificabili dall'utente:

- *Lambda* (λ): tasso di contagio per ogni infettivo nell'unità di tempo
- *Sigma* (σ): fattore moltiplicativo del tasso di contagio, per tener conto della diminuzione del tasso dovuta alla distanza, insieme a *Distanziamento*
- *Gamma* (γ): tasso di guarigione ($1/\gamma$ è la durata media della malattia)
- *Tau* (τ): tasso di mortalità per ogni infettivo nell'unità di tempo
- *Righe*, *Colonne*: coordinate e dimensioni della matrice (numero di righe e di colonne)
- *Interazioni*: il numero di individui incontrati da uno specifico individuo nell'unità di tempo
- *Durata*: numero di unità di tempo della simulazione
- *Storici*: liste di valori che tengono conto, giorno per giorno, dei numeri di infettivi, suscettibili e rimossi

Il singolo individuo, identificato dalla sua posizione (riga, colonna) nella matrice, corrisponde a un numero che ne indica lo stato. Egli può essere Suscettibile (0), Infettivo (1+, dove il numero indica i giorni di malattia), Deceduto (-1) o Guarito (-2). Sia i deceduti che i guariti rientrano nella categoria Rimossi (R) del modello SIR, ma vengono registrati separatamente per una conoscenza più completa del fenomeno e per eventuali sviluppi futuri del progetto che includano vaccini, un'immunità solamente temporanea in caso di guarigione o altre funzionalità aggiuntive.

Funzionamento dell'App

L'App, realizzata in Blockly, dopo aver inizializzato (*Inizializzazione*) le variabili necessarie sulla base dei parametri selezionati dall'utente, creando una matrice i cui elementi costituiranno, nel loro insieme, la popolazione sottoposta all'epidemia, esegue la simulazione (*Simulazione*). Quest'ultima consiste nella ripetuta esecuzione, per il numero di *giornate* selezionato, delle funzioni *PropagaContagio*, *FineGiornata* e *Risultati*.

PropagaContagio agisce su ciascun individuo, eseguendo la funzione *Contagio*. Quest'ultima, dopo aver selezionato un secondo soggetto in modo parzialmente casuale, ma in relazione alla sua vicinanza al primo soggetto mediante *ScegliIndividuo*, controlla se i due sono uno infetto e l'altro suscettibile. In tal caso, prova ad effettuare il contagio del suscettibile, sulla base di λ e del *distanziamento*.

FineGiornata aggiorna lo stato degli individui infetti, che aumentano il proprio valore di 1, per registrare un ulteriore giorno di malattia. Verifica quindi, secondo i parametri τ e γ , rispettivamente se ciascun infetto è morto (-1) o guarito (-2).

Risultati, infine, aggiorna gli storici degli infetti, dei suscettibili e dei rimossi per una successiva consultazione.

Le altre funzioni presenti sono strumenti utili per trattare una matrice in modo efficiente, riducendo il numero di blocchi necessari a creare la matrice, inserirvi il desiderato numero di infettivi scelti casualmente, ottenere informazioni relative alla stessa e leggere lo stato di un individuo o aggiornarlo.

Il feedback fornito dal programma consiste in una lista delle ordinate di un grafico GeoGebra che presenta i giorni (0, 1, 2, 3, ...) sull'asse delle ascisse e gli Infettivi corrispondenti ($I_0, I_1, I_2, I_3, \dots$) sull'asse delle ordinate.

Puoi accedere all'applicazione con il seguente link:

<https://docs.google.com/document/d/1EX5rDIIPPJkX2gC1SfCo76VJxVQFzIW1469EpGlkzMk/edit?usp=sharing>

Come probabilmente sapete, Blockly è un ottimo generatore di codice, ma presenta diversi limiti di esecuzione. Per svolgere delle simulazioni con grandi popolazioni o estese per molte *giornate*, è fortemente consigliato tradurre il codice in Python attraverso la scheda di Blockly preposta in alto e incollarlo in un ambiente di sviluppo che lo supporta. A questo punto, le uniche limitazioni saranno legate al dispositivo utilizzato e alla pazienza personale.

Validazione dati Covid

In modo analogo a quanto fatto precedentemente con gli slider di Geogebra, modifica i vari parametri dell'app per creare una spezzata aperta che assomigli il più possibile all'andamento reale degli infetti nella provincia di Latina, presenti nel file Geogebra che avete già utilizzato nella sezione *I Dati del Covid*.

Come già detto, Blockly presenta diversi limiti di esecuzione, pertanto i dati reali sono stati appositamente ridotti in scala 1:10. Inoltre consigliamo la traduzione del codice in linguaggio Python, poiché è in grado di processare facilmente il numero di iterazioni necessarie. Per fornire i

risultati relativi ad un gruppo di 10000 persone, infatti, l'applicazione in Python impiega mediamente un tempo compreso tra 1 e 2 minuti.

Integrazione su Fogli Google

Potete accedere a un Foglio Google con il codice Blockly, convertito in Javascript, e integrato come funzione pronta all'utilizzo [qui](#). Si tratta di un'ulteriore modalità con cui eseguire il modello SIR più user-friendly rispetto a Blockly o Python, in particolare per coloro che non sono abituati a questi strumenti.

Basterà modificare i valori dei parametri in alto per ottenere, dopo una breve attesa, i risultati delle simulazioni con i modelli SI, SIS e SIR. A causa dei limiti imposti dai server Google ai singoli utenti, con parametri elevati il Foglio potrebbe non essere in grado di fornire una risposta opportuna e restituirà un Errore. In tal caso, è consigliato scegliere dei valori più piccoli.

Soluzioni

Modello SI su Geogebra: Che problemi ha?

Prova a inserire su un Software CAS (come GeoGebra) la seguente lista di punti, ottenuta tramite una simulazione realizzata con un'applicazione appositamente sviluppata.

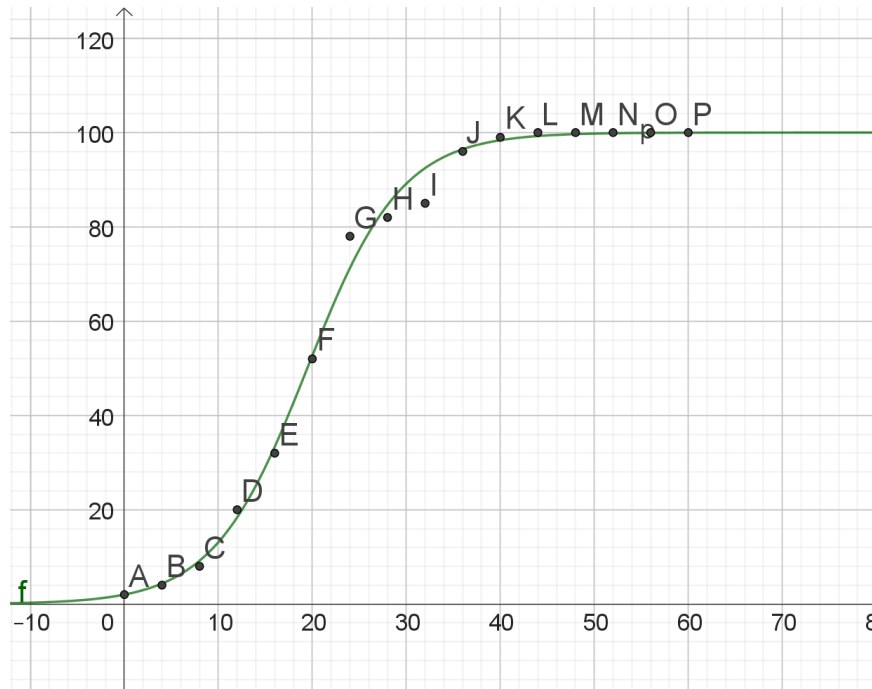
Giorni (t)	Infetti (I)
0	2
4	4
8	8
12	20
16	32
20	52
24	78
28	82
32	85
36	96
40	99
44	100
48	100
52	100
56	100
60	100

A livello matematico, il modello SI può essere espresso rigorosamente mediante la seguente funzione che dipende dal tempo:

$$I(t) = \frac{kN \cdot e^{\lambda Nt}}{1 + k e^{\lambda Nt}} \text{ con } k = \frac{I_0}{N - I_0}$$

dove I_0 (2) è il numero di infettivi al tempo $t_0 = 0$, N la popolazione totale e λ (*Lambda*) il tasso di contagio. Si usa, inoltre, la Costante di Eulero $e \approx 2,71828$.

Qui di seguito troviamo la rappresentazione grafica del modello SI ([Modello SI - Geogebra](#)):



Osserva il grafico, come varia il numero degli infettivi al passare dei giorni? In particolare, che comportamento ha la funzione per un tempo molto grande? Che significato ha per l'epidemia questo comportamento del modello?

Al passare dei giorni il numero degli infettivi aumenta sensibilmente per poi rallentare, ma senza arrestarsi o decrescere.

La funzione ha un massimo? *Tende a un massimo?* Quanto vale questo massimo?

La funzione non ha un massimo, ma ha un asintoto orizzontale (in questo caso $y=100$) in corrispondenza della popolazione totale.

Uno dei maggiori problemi del Modello SI consiste proprio nel fatto che il numero di contagiati raggiunti nel medio-lungo termine coincide con la totalità della popolazione, senza alcuna possibilità di guarigione o rischio di morte. Affronteremo la risoluzione di questa problematica nei capitoli successivi.

Una simulazione più *personale*

Rappresenta su un piano cartesiano il numero di infettivi in funzione della giornata. A fronte di quanto spiegato nell'introduzione al Modello SI, ritieni che il gioco descriva in modo abbastanza accurato i risultati di questa simulazione?

I risultati così ottenuti sono simili a un utilizzo pratico del Modello SI, con due differenze principali. La prima consiste nel numero di interazioni che ogni infetto compie ogni giorno, con possibilità di contagiare altrettante persone, in quanto nella realtà è solitamente superiore a 1, dato che ci sono molti più suscettibili e contatti. Inoltre la scelta dell'individuo con cui l'infettivo interagisce non è casuale ma dipende dalla vicinanza fisica e sociale tra i soggetti.

Cosa succederebbe se avessi continuato la simulazione per più giornate (per tante giornate)? Che tipo di epidemia descrive il modello SI? Ha un difetto, qualcosa che impedisce al modello di *raccontare* con precisione l'andamento delle malattie (influenza, COVID, ..) che conosci?

Continuando con la simulazione, tutti i suscettibili si sarebbero inevitabilmente trasformati in infetti. Il Modello SI è un buon punto di partenza per lo studio epidemiologico, ma è irrealistico pensare che una malattia colpisca l'intera popolazione senza guariti, decessi o immunità di alcun tipo. Vedremo quindi altri modelli in grado di descrivere un numero sempre maggiore di possibili epidemie.

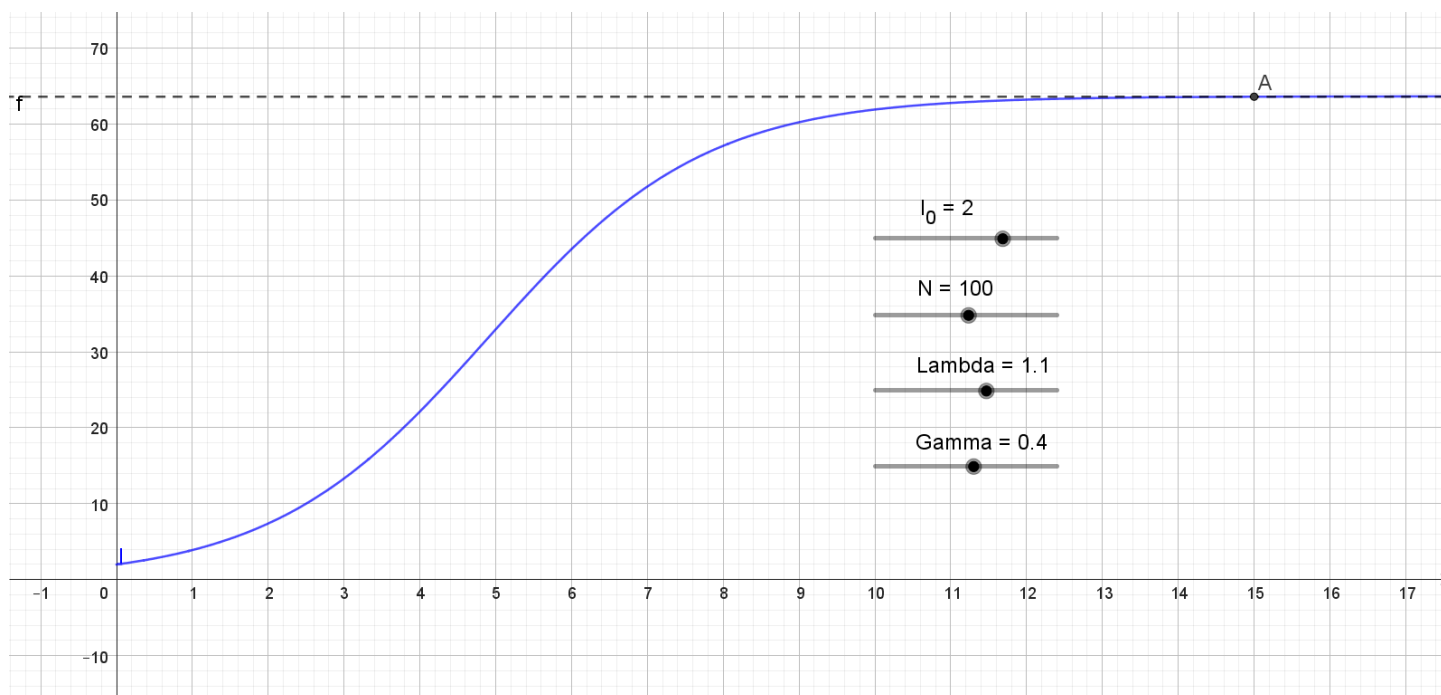
Il Modello SIS

Modello SIS su GeoGebra

Prova a inserire la formula precedentemente introdotta che identifica il modello SIS, con un Software CAS (come GeoGebra), su un grafico in cui l'asse delle ascisse rappresenta il tempo t e quello delle ordinate gli infetti I . Si creeranno automaticamente quattro slider: Numero totale della popolazione (N), Infetti Iniziali (I_0), Lambda (λ) e Gamma (γ).

Gioca con i parametri del modello modificando il valore degli slider. Cosa noti al variare di ogni singolo parametro? In particolare, cosa succede se gamma, che rappresenta la probabilità di guarigione di un infettivo, è maggiore di lambda, che invece misura la probabilità di contagio?

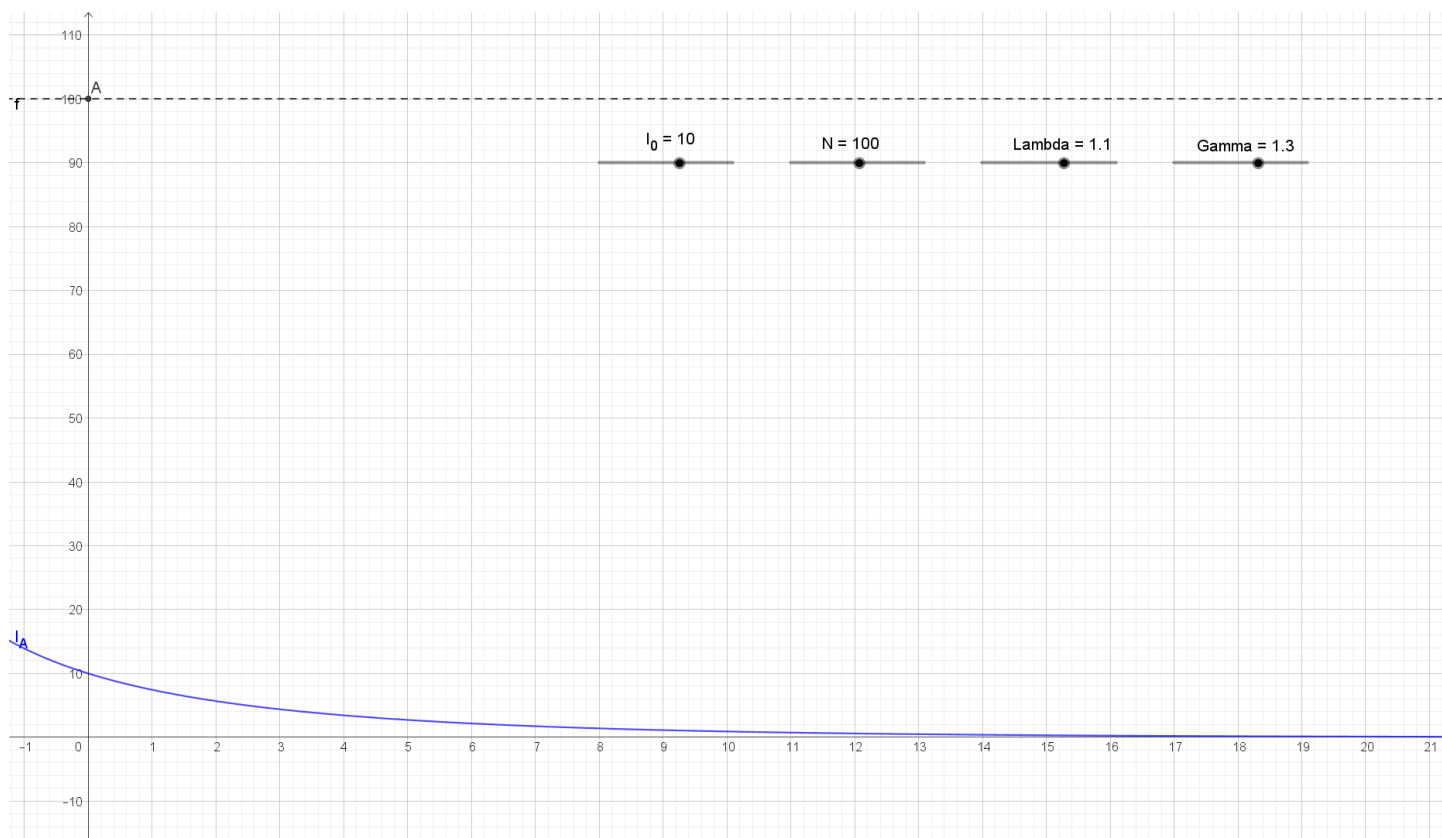
Osserva il seguente grafico. Dovrebbe essere simile al tuo.



[Modello SIS - GeoGebra](#)

Utilizzando gli slider per cambiare i valori dei parametri Lambda e Gamma si possono notare alcuni casi molto particolari di epidemie mai cominciate. Infatti, se il valore di Gamma è superiore a Lambda si avranno sin dal primo giorno più guariti che nuovi infetti, estinguendo in breve il loro valore totale. Un esempio è il seguente.

[Modello SIS Guariti - GeoGebra](#)



Il Modello SIS descrive adeguatamente alcune patologie che non vengono propriamente debellate ma permangono nel tempo nella comunità che infettano, e che quindi possono essere esclusivamente arginate. Un esempio ne è l'influenza stagionale.

Quale problema potrebbe avere questo modello nell'analisi di altre patologie, come il Covid?

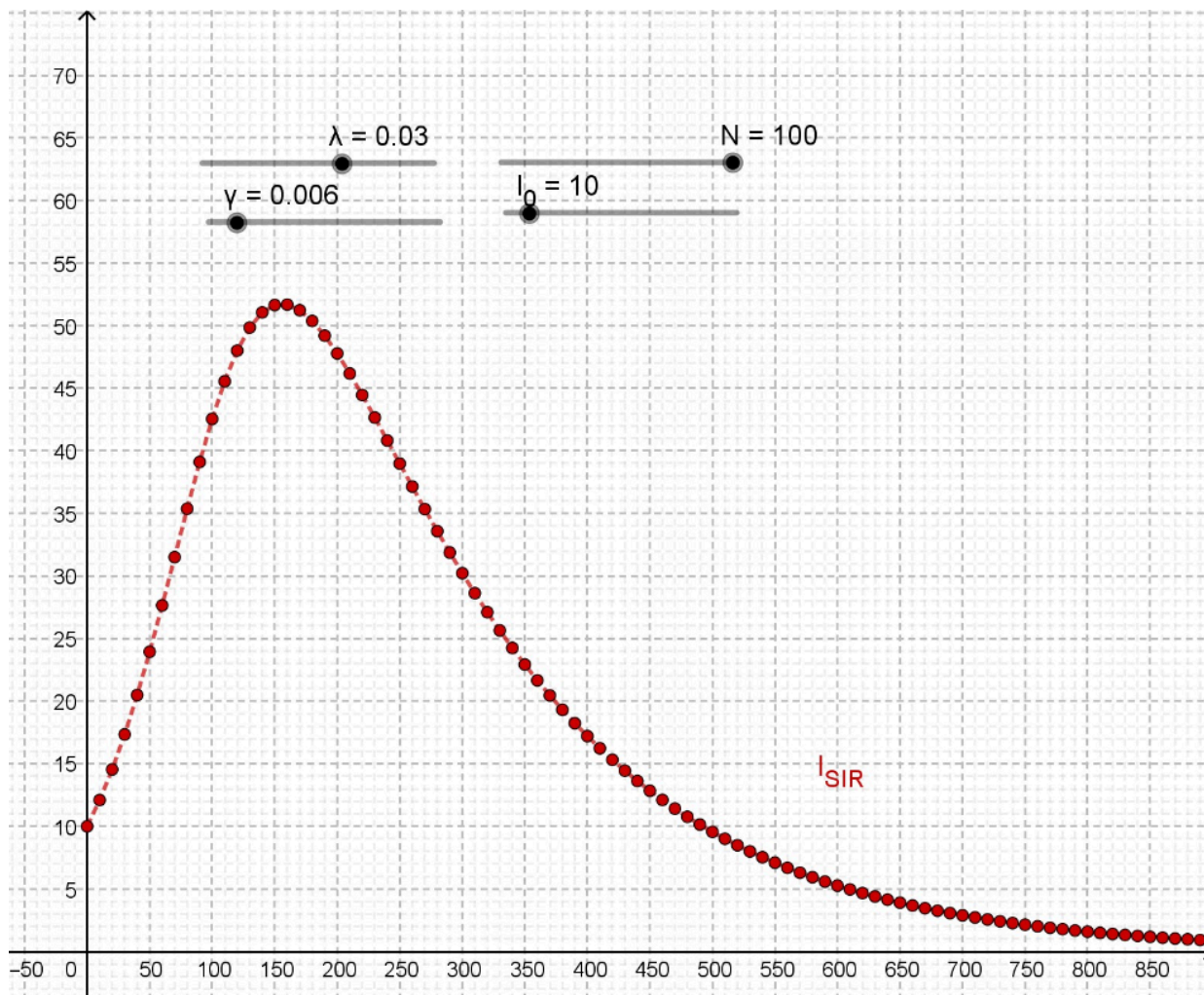
Il Modello SIS non tiene conto della categoria dei rimossi, ovvero di quelle persone che, dopo aver contratto la malattia ed essere guariti, non possono più essere contagiati. Esso descrive adeguatamente alcune patologie che non vengono propriamente debellate ma permangono nel tempo nella comunità che infettano e che, quindi, possono essere esclusivamente arginate. Un esempio ne è l'influenza stagionale.

Tuttavia, anche se questo modello risolve alcuni difetti del modello precedente, non descrive altre malattie come il COVID. Abbiamo bisogno di un modello più raffinato!

Il Modello SIR

Modello SIR su GeoGebra

Questo grafico specifico che costituisce un esempio del Modello SIR applicato a una popolazione di 100 individui con 10 Infetti iniziali su, λ [lambda] pari a 0.03 (3%) e γ [gamma] di 0.006 (0.6%). Puoi accedere al file attraverso questo [link](#).



Gioca con gli sliders su GeoGebra. Quali differenze noti rispetto ai modelli SI e SIS? Cosa succede al passare del tempo (molto tempo)?

A differenza dei modelli SI e SIS, in questo caso si raggiunge un picco relativamente presto, dopo il quale il virus inizia un processo remissivo fino a raggiungere pochi casi isolati o la sua totale scomparsa.

Inoltre, ci sono alte probabilità che, al suo picco, il numero di infetti sia inferiore alla popolazione totale. In questo caso, ad esempio, il massimo che si raggiunge è di 52 malati in contemporanea, nel giorno 160.

Integrazione numerica

Supponiamo di conoscere la derivata $f'(x)$ di una funzione $f(x)$ e le coordinate di un punto $(x_0, f(x_0))$ di un punto p_0 della funzione. Possiamo approssimare l'ordinata di un punto successivo p_1 della funzione con $f(x_1) = f(x_0) + f'(x_0) \cdot \Delta x$ dove Δx è l'incremento sulle ascisse.

Prendiamo una funzione relativamente semplice, $y' = 2y$ e un suo punto $y(0) = 1$. Alla luce di quanto appena spiegato, prova a rappresentare graficamente l'equazione differenziale, calcolando i punti con un incremento di $\Delta x = 0.1$

Il processo risulterà più semplice utilizzando un foglio di calcolo. Puoi scaricare il file GeoGebra con il foglio di calcolo e il grafico risultante [qui](#).

I Dati del COVID

Questa tabella ([Dati Provincia Latina](#)) mostra il numero di positivi rilevati ogni giorno nella Provincia di Latina nell'arco di circa 10 mesi (24/02/2020 - 6/12/2020). Riporta sul [grafico](#)

[Geogebra](#) del SIR i dati, otterrai così l'andamento del numero di infetti in funzione del tempo trascorso.

Cosa riesci a dedurre da questo grafico? Dov'è il picco? Assomiglia alla curva del modello SIR già presente sul grafico?

Per facilitare il lavoro, in questo [file](#) abbiamo preso in considerazione solo i 75 giorni tra il 16/09/2020 e il 29/11/2020. Puoi individuarne rapidamente la posizione del picco.

Riesci a rendere la curva del modello SIR simile alla spezzata aperta che rappresenta i dati reali di Latina? Quale significato assumono i valori dei parametri per i quali le due curve sono sovrapposte?

Selezionando parametri opportuni dopo alcuni tentativi, la curva del SIR approssimerà in modo relativamente appropriato la spezzata aperta basata su dati reali. Abbiamo attribuito a N il valore della popolazione di Latina nel 2020 (125.000), a I_0 gli infettivi nel giorno 16/09/2020, a λ [lambda] un tasso di contagio del 6.9% e a γ [gamma] un tasso di rimozione del 10.8%.

Probabilmente avrai notato che il picco del modello SIR non viene raggiunto al termine dei dati riportati. Questo è dovuto al fatto che, qualche giorno dopo l'ultimo dato presente nel Foglio Google, la redazione dei bollettini relativi al Covid è diventata facoltativa, ma l'incremento dei contagi non si è arrestato subito. Possiamo dire, quindi, che i dati sono *incompleti*, ma il nostro modello rispecchia l'andamento reale!

Approssimazione con un polinomio

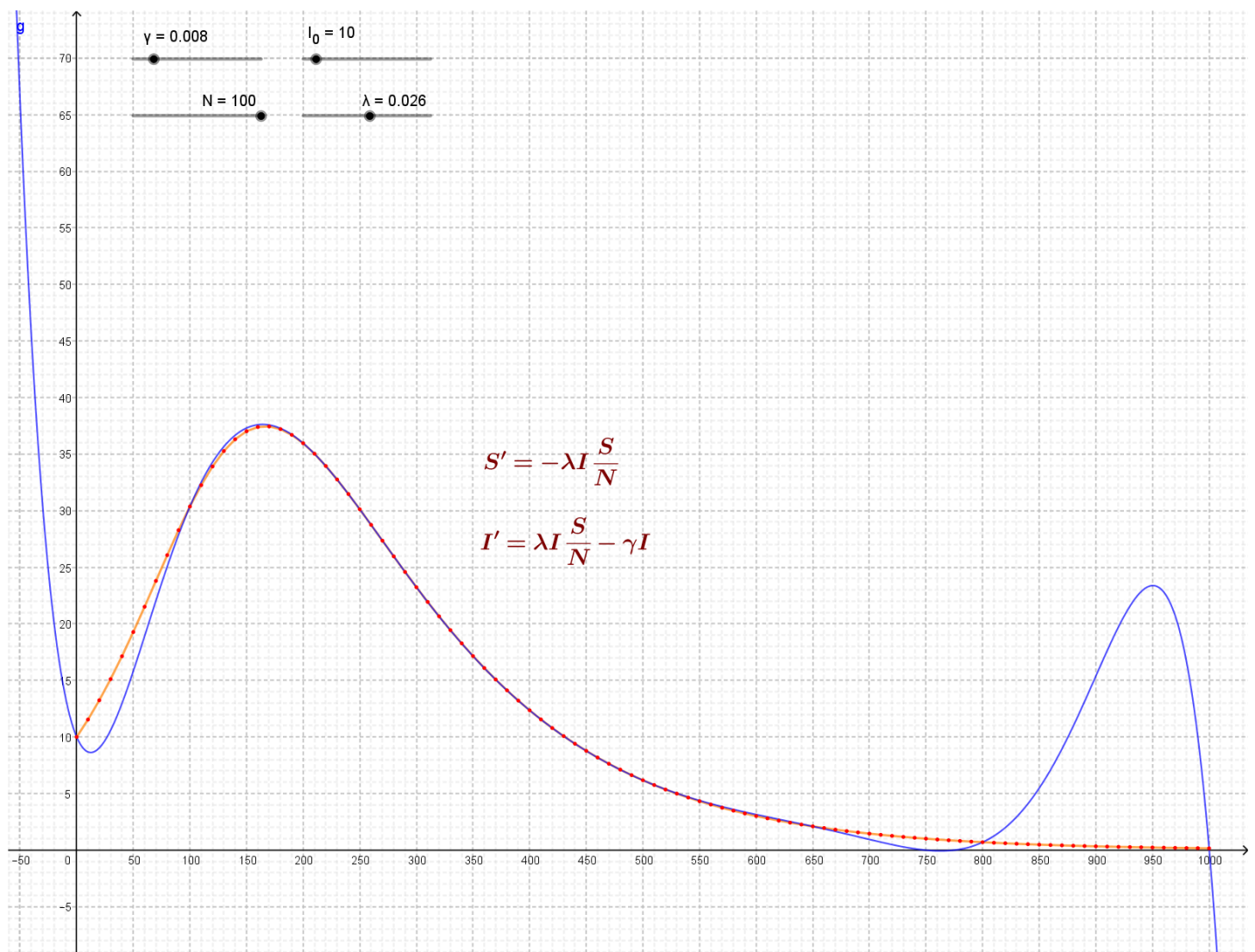
Approssimazione e stima dell'errore

Cerca di approssimare i dati sul grafico del Modello SIR con un polinomio di grado non troppo alto. Tieni presente che un polinomio di grado n ha $n+1$ parametri quindi potrai imporre il passaggio per $n+1$ punti.

La cosa importante è scegliere bene quali punti utilizzare per adattare il polinomio alla spezzata che vedi nel grafico, controllando la qualità del lavoro fatto non solamente dal punto di vista grafico ma anche applicato al fenomeno in analisi.

Un esempio di approssimazione dei dati di Latina con un polinomio di grado 10 può essere ottenuto attraverso questo [link](#), che riporta ad un file xMaxima.

Riportato su un grafico geogebra, insieme al modello SIR, può essere scaricato [qui](#) e appare così:



Stima quindi l'errore del polinomio rispetto alla funzione originale.

Ti consigliamo di fare quanti più tentativi ti sembrano opportuni a migliorare il più possibile la precisione della funzione approssimante. Se hai ottenuto un errore discretamente basso allora significa che la funzione rispecchia adeguatamente i dati reali che sono stati rilevati nei bollettini, cioè siamo riusciti ad *approssimarli* correttamente con un polinomio di grado n.

L'errore, calcolato con alcuni punti appositamente selezionati attraverso lo scarto quadratico, può essere trovato nella sezione Errore (3.5) del file xMaxima precedentemente allegato.

Un'Applicazione per il Modello SIR con Blockly

Validazione dati

In modo analogo a quanto fatto precedentemente con gli slider di geogebra, modifica i vari parametri dell'app per creare una spezzata aperta che assomigli il più possibile all'andamento reale degli infetti nella provincia di Latina, presenti nel file Geogebra che avete già utilizzato nella sezione (I Dati del Covid).

Come già detto, blockly presenta diversi limiti di esecuzione, pertanto i dati reali sono stati appositamente ridotti in scala 1:10. Inoltre consigliamo la traduzione del codice in linguaggio python, poiché è in grado di processare facilmente il numero di iterazioni necessarie. Per fornire infatti tramite python i risultati relativi ad un gruppo di 10000 persone, la applicazione impiega un tempo compreso tra 1 e 2 minuti.

Bibliografia

- Enciclopedia Treccani

[Treccani.it](http://www.treccani.it)

- La matematica delle epidemie: istruzioni per l'uso

<http://maddmaths.simai.eu/divulgazione/focus/epidemie-matematica/>

- Epidemia all'isola degli eremiti

https://areeweb.polito.it/didattica/polymath/htmlS/argoment/Matematicae/Dic_05/MateEpidemie.htm

- Riley, S., Eames, K., Isham, V., Mollison, D., Trapman, P. - *Five challenges for spatial epidemic models*

<https://www.journals.elsevier.com/epidemics>

- Mascia, C. e Montefusco, E. - *Modelli deterministici in epidemiologia* - Dipartimento di Matematica G. Castelnuovo,