



UNIVERSITÀ DI PISA

Presentazione e simulazione dati del modello virale: Chikungunya

AUTORE: Luca Morello - 646354

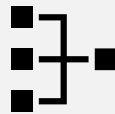
01 Apertura

- DESCRIZIONE VIRUS
- DIFFUSIONE
- VETTORE



02 Analisi Modello

- DESCRIZIONE MODELLO
- MODELLI PRESENTI IN LETTERATURA
- CONFRONTO ED ANALISI



03 Risultati Matlab

- PRESENTAZIONE MODELLO IN AMBIENTE MATLAB
- DATI E RISULTATI SIMULAZIONE
- GRAFICI DEL MODELLO



04 Criticità Modello

- DISCUSSIONE RISULTATI
- AFFINAMENTO MODELLO
- GRAFICI DEL MODELLO



VIRUS



La chikungunya è una malattia virale che colpisce gli esseri umani ed è trasmessa principalmente attraverso le punture di zanzara infette.

Il termine "chikungunya" deriva dal dialetto *Kimakonde*, parlato nella zona sudorientale della Tanzania, e significa " **camminare chinandosi** ", facendo riferimento alla caratteristica postura curva assunta dalle persone colpite dal dolore articolare intenso causato dalla malattia.

Appartiene alla famiglia dei Togaviridae, genere Alphavirus.

È stato identificato per la prima volta durante un'epidemia nel 1952 nella regione di Tanganyika, ora parte della Tanzania.

Tuttavia, è possibile che la malattia fosse già presente in altre aree geografiche molto tempo prima.

Infatti, ci sono documenti storici che riportano un'epidemia simile in Indonesia nel 1779, che potrebbe essere attribuita allo stesso agente virale.

VIRUS

I sintomi della chikungunya includono:

Febbre alta
Forti dolori articolari e muscolari
Mal di testa
Eruzione cutanea
Gonfiore delle articolazioni

La malattia può essere estremamente debilitante e i sintomi possono durare settimane o addirittura mesi.

In alcuni casi, soprattutto negli anziani o nelle persone con problemi di salute preesistenti.

la chikungunya può causare complicazioni gravi, come l'infiammazione del cervello (encefalite) o problemi cardiaci.

La prevenzione della chikungunya si basa principalmente sul controllo delle zanzare e sulla protezione individuale dalle punture.

repellenti per insetti
vestirsi con abiti a maniche lunghe e pantaloni lunghi
utilizzare zanzariere o condizionatori d'aria per tenere le zanzare lontane dagli ambienti interni
rimuovere o trattare le potenziali aree di riproduzione delle zanzare, come recipienti d'acqua stagnante.

Attualmente non esiste una cura specifica per la chikungunya, ma il trattamento mira a alleviare i sintomi e a gestire il dolore.



VETTORE

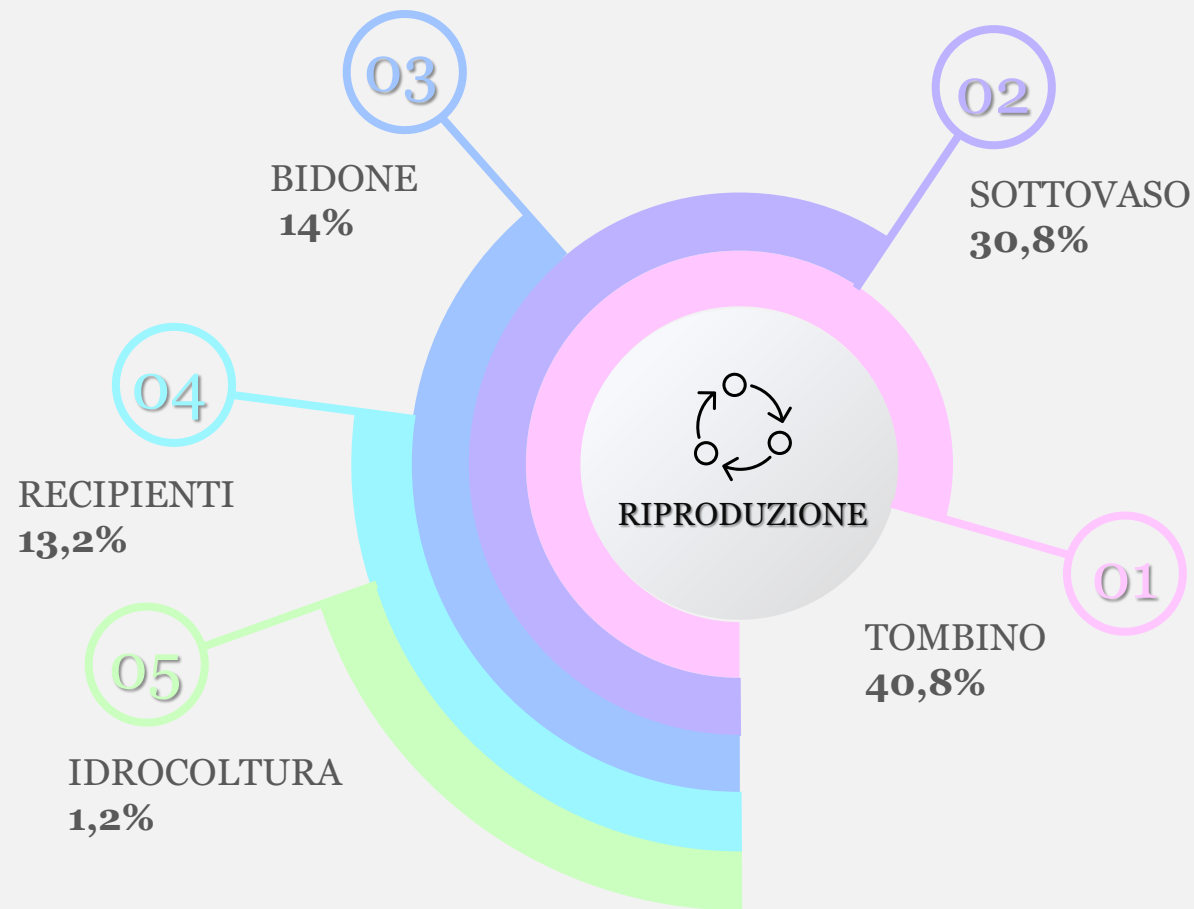
- La zanzara responsabile della trasmissione del virus Chikungunya è la *Aedes aegypti*, con un coinvolgimento della *Aedes albopictus*.
- Sono conosciute come zanzare tigre per i loro disegni a strisce bianche e nere.
- Sono di piccole dimensioni e attive durante il giorno, soprattutto nelle prime ore del mattino e nel tardo pomeriggio.
- Sono attratte dai movimenti e dall'anidride carbonica emessa dalle persone e dagli animali.



VETTORE



- Si riproducono in contenitori d'acqua stagnante come secchi, pneumatici abbandonati e vasche per piante.
- Le zanzare femmine infette possono trasmettere il virus Chikungunya attraverso il morso.
- La prevenzione delle punture di zanzara è essenziale per ridurre il rischio di contrarre il virus.
- L'uso di repellenti, abbigliamento protettivo e zanzariere sono raccomandati.
- L'eliminazione delle potenziali aree di riproduzione delle zanzare è importante per controllarne la popolazione e ridurre la diffusione del virus.



DIFFUSIONE VIRUS

Il virus Chikungunya ha una distribuzione geografica molto ampia.

Si trova principalmente nelle regioni tropicali e subtropicali dell'Africa, dell'Asia e delle Americhe.

Negli ultimi anni, si sono verificati focolai di Chikungunya in diverse parti del mondo, incluso il sud-est asiatico, le Americhe e l'Europa meridionale (Italia, Francia).

Il rischio di contrarre il virus è più alto durante la stagione delle piogge, quando le zanzare proliferano.

Il virus tuttavia, può diffondersi in qualsiasi momento dell'anno, soprattutto in zone dove le zanzare sono presenti in grande numero.



DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

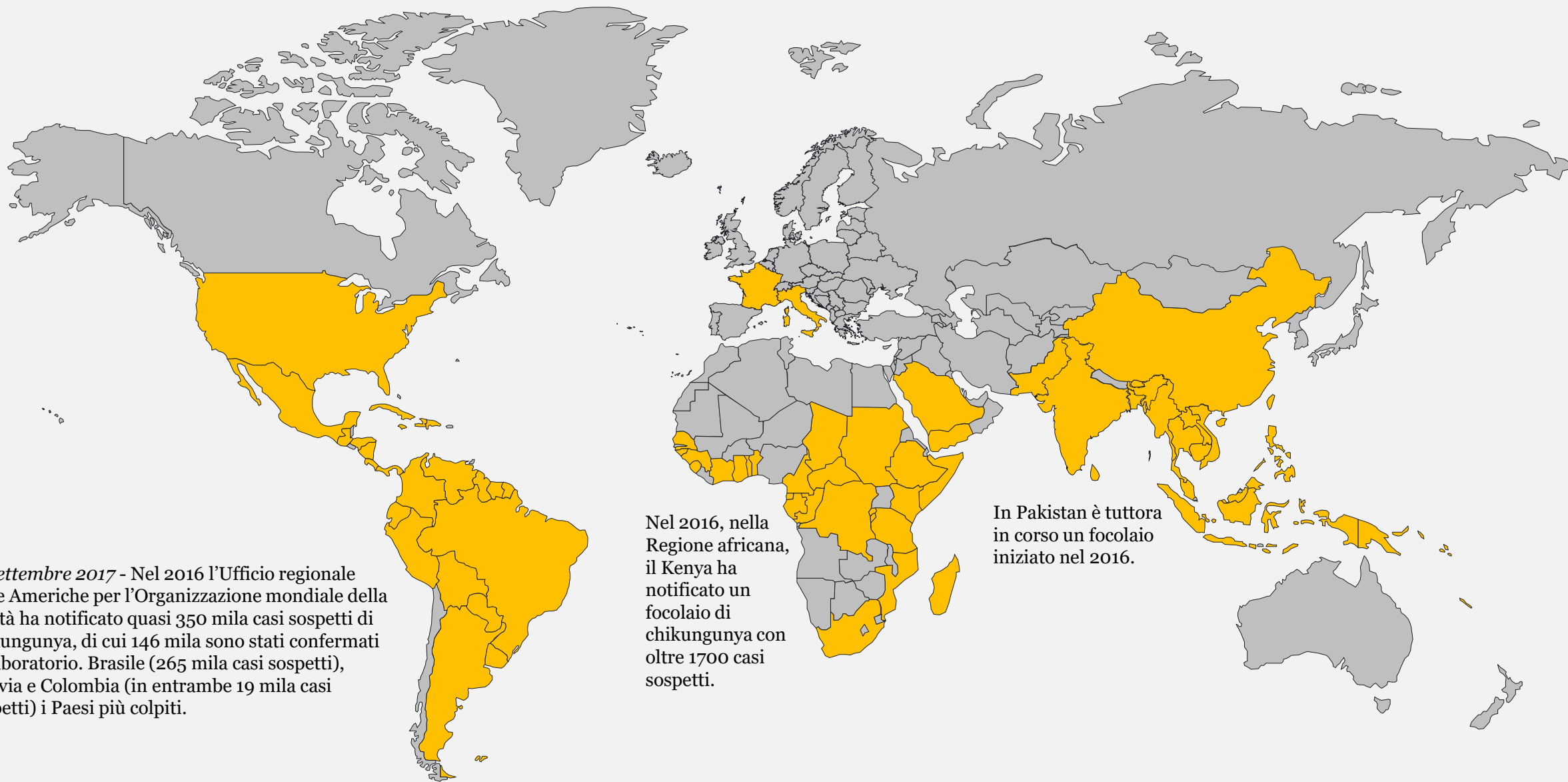


DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

14 settembre 2017 - Nel 2016 l'Ufficio regionale delle Americhe per l'Organizzazione mondiale della sanità ha notificato quasi 350 mila casi sospetti di chikungunya, di cui 146 mila sono stati confermati in laboratorio. Brasile (265 mila casi sospetti), Bolivia e Colombia (in entrambe 19 mila casi sospetti) i Paesi più colpiti.

Nel 2016, nella Regione africana, il Kenya ha notificato un focolaio di chikungunya con oltre 1700 casi sospetti.

In Pakistan è tuttora in corso un focolaio iniziato nel 2016.



DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

DATI RECENTI

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

SUD AMERICA

PANORAMICA GENERALE

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

La Pan American Health Organization (Paho) ha diramato un'allerta su un aumento dei casi.

Nel 2022, sono stati registrati 273mila casi di infezione, un numero più che doppio rispetto al 2021;

Il numero di decessi è stato invece 7 volte maggiore.

La tendenza sembra confermarsi anche nel 2023: nelle prime otto settimane dell'anno sono stati registrati 115mila casi e 33 morti.

I Paesi più interessati sono **P A R A G U A Y** e **B R A S I L E** .

A causa dell'intensità anomala della trasmissione, la PAHO ha invitato i paesi dell'emisfero meridionale a intensificare le attività di prevenzione e controllo delle infezioni e a rafforzare la capacità di risposta dei sistemi sanitari.

C'è il timore che l'impatto dell'infezione possa aumentare ulteriormente, in particolare a causa dell'aumento del numero di persone suscettibili.

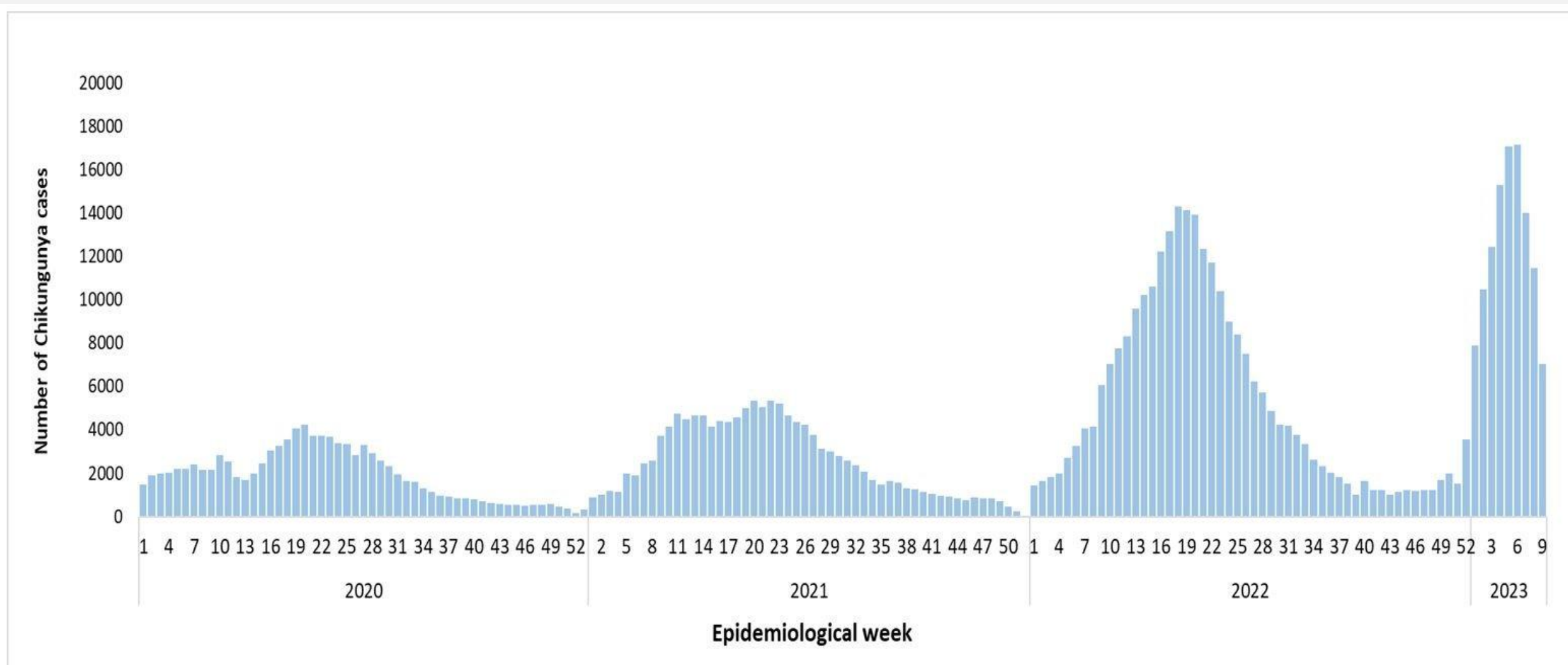
Sono già trascorsi otto anni dall'epidemia del 2014, l'ultima grande epidemia di chikungunya nelle Americhe, il che significa che **una nuova ondata di infezioni potrebbe colpire un gran numero di persone non ancora esposte alla malattia.**

F O N T E



WORLD HEALTH ORGANIZATION

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI



Source: PAHO/WHO Health Information Platform for the Americas (PLISA per its acronym in Spanish) as provided by Ministries and Institutes of Health of the countries and territories of the Region of the Americas. Washington DC: PAHO.

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

SUD AMERICA

PANORAMICA PER PAESE

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

ARGENTINA:

Tra il 1° gennaio 2023 e il 12 marzo 2023, sono stati segnalati complessivamente **341 casi** confermati in laboratorio, senza decessi. Dei casi, il 60% è stato importato (infezione acquisita durante il soggiorno o il viaggio all'estero). Attualmente, cinque province stanno segnalando la trasmissione locale di chikungunya: **Provincia di Buenos Aires, Città di Buenos Aires, Córdoba, Corrientes e Formosa.**
Queste province non avevano mai segnalato casi autoctoni di chikungunya in precedenza.

BOLIVIA:

Tra il 1° gennaio e l'11 marzo 2023, sono stati segnalati complessivamente **593 casi** di chikungunya, rappresentando un aumento di 11 volte rispetto allo stesso periodo del 2022. Durante questo periodo, non sono stati segnalati decessi e l'incidenza cumulativa nazionale è stata di cinque casi per 100.000 abitanti.

BRASILE:

Tra il 1° gennaio e l'11 marzo 2023, sono stati segnalati complessivamente **50.103 casi** di chikungunya, rappresentando un aumento relativo dell'83% rispetto allo stesso periodo del 2022. Sono stati confermati sei decessi in **Espírito Santo e Minas Gerais**, mentre altri 23 decessi sono ancora sotto indagine. I casi sono stati segnalati in tutte e 27 le unità federali. Al 11 marzo 2023, l'incidenza cumulativa nazionale è stata di 23,5 casi per 100.000 abitanti. L'incidenza cumulativa più alta è stata riportata nella regione meridionale del paese, con 35.484 casi (39,5 casi per 100.000 abitanti).

PARAGUAY:

Tra il 2 ottobre 2022 e il 4 marzo 2023, sono stati segnalati complessivamente **40.984 casi**, inclusi 3.510 casi ospedalizzati e 46 decessi. Di questi, lo 0,3% (n = 162) si è verificato nei neonati, inclusi otto decessi. Inoltre, tra la settimana epidemiologica 1 e la settimana epidemiologica 9 del 2023, sono stati segnalati complessivamente 294 casi sospetti di meningoencefalite acuta, di cui il 42,5% (n = 125) attribuiti al chikungunya, di cui il 42% (n = 53) tra i neonati. Sono stati segnalati casi confermati e probabili in tutti i dipartimenti del paese. Il maggior numero di casi è stato segnalato in due dipartimenti: Central (24.556 casi, inclusi 32 decessi) e Asunción (9.981 casi, inclusi 11 decessi) .

PERÙ:

Tra il 1° gennaio 2023 e il 4 marzo 2023, sono stati segnalati **97 casi** di chikungunya, rappresentando un aumento di oltre tre volte rispetto allo stesso periodo del 2022. I casi confermati sono stati segnalati in quattro dipartimenti; la proporzione più alta di casi è stata riportata a Piura (69%; n = 67 casi), seguita da San Martín (29%; n = 28 casi) .

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

IN EUROPA

DIFFUSIONE VIRUS – PAESI

FRANCIA

Nel settembre 2017 è stato segnalato un caso autoctono di Chikungunya nel sud della Francia, con un totale di 6 casi confermati e 1 caso probabile concentrati in un quartiere. Le autorità francesi hanno adottato misure per fermare la trasmissione e il rischio di diffusione nell'area è basso. Durante i mesi estivi in Europa, è comune osservare casi di Chikungunya a causa della presenza della zanzara *Aedes albopictus*. Attualmente, il rischio di nuovi focolai di Chikungunya e Dengue nell'UE è moderato, poiché queste malattie sono diffuse nelle zone tropicali e vengono introdotte dai viaggiatori provenienti da quelle aree. Nel 2014, sono stati segnalati 1461 casi sospetti di Chikungunya nell'UE, con un notevole aumento rispetto all'anno precedente, principalmente dovuto alle infezioni contratte durante i viaggi, specialmente nei Caraibi e nelle Americhe, dove c'era un'epidemia in corso.

FONTI

[Cluster of autochthonous chikungunya cases in France 23 August 2017](#)
[European Centre for Disease Prevention and Control](#)

ITALIA

Il 12 ottobre 2017, il ministero della Salute in Italia ha segnalato un totale di 282 casi di chikungunya fino al 6 ottobre 2017. Oltre ai focolai in Lazio e Calabria, sono stati segnalati due casi nelle Marche e nell'Emilia-Romagna legati al focolaio di Anzio, e quattro casi nell'Emilia-Romagna e nel Lazio legati al focolaio di Guardavalle Marina. Questi sono i primi casi di trasmissione autoctona segnalati dal 2007, quando si è verificata un'epidemia di chikungunya in Emilia-Romagna.

FONTI

[Ministero della Salute](#)
[Centro nazionale sangue](#)
[Regione Lazio](#)

Analisi Modello SEIR

SEIR (Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered) sono un tipo di modello matematico utilizzato per studiare la diffusione di malattie infettive all'interno di una popolazione. Questo modello suddivide la popolazione in quattro categorie:

1. Suscettibili (Susceptible): Individui che non sono stati infettati dalla malattia e possono contrarla se entrano in contatto con gli infetti.
2. Esposti (Exposed): Individui che sono stati infettati dalla malattia, ma non sono ancora infettivi. Durante questa fase, la persona potrebbe non mostrare sintomi, ma può trasmettere la malattia ad altri.
3. Infettivi (Infectious): Individui che sono infetti e possono trasmettere attivamente la malattia ad altri. Durante questa fase, la persona può manifestare sintomi.
4. Guariti/Rimossi (Recovered/Removed): Individui che sono guariti dalla malattia e sono immuni ad essa o sono stati rimossi dalla popolazione per altri motivi (ad esempio, decesso).

Analisi Modello SEIR

Il modello SEIR tiene conto dei tassi di transizione tra le diverse categorie e delle interazioni sociali nella popolazione per prevedere come si diffonderà l'infezione nel tempo.

Può essere utilizzato per valutare l'efficacia delle misure di controllo, come la quarantena, il distanziamento sociale o la vaccinazione, nel contenere la diffusione della malattia.

È importante sottolineare che il modello SEIR è una semplificazione della realtà e si basa su alcune ipotesi.

La sua applicazione richiede dati accurati e un'adeguata calibrazione per ottenere previsioni realistiche sulla diffusione di una malattia infettiva all'interno di una popolazione.

Analisi Modello Modello adottato

Per modellare il processo di trasmissione del virus della Chikungunya sono stati concatenati 3 modelli differenti:

SEI – VETTORE



1. Suscettibili
2. Esposti
3. Infetti

SEIRC – OSPITE



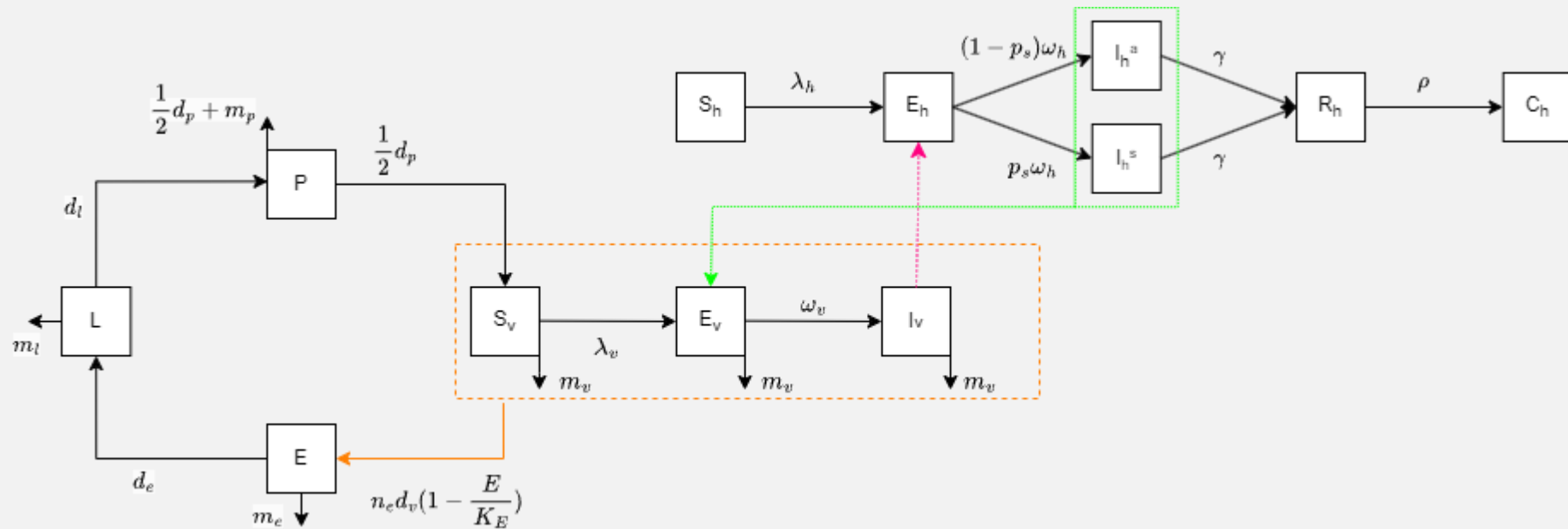
1. Suscettibili
2. Esposti
3. Infetti sintomatici
4. Infetti asintomatici
5. Rimossi
6. Cronici

VELP – CICLO VITA VETTORE



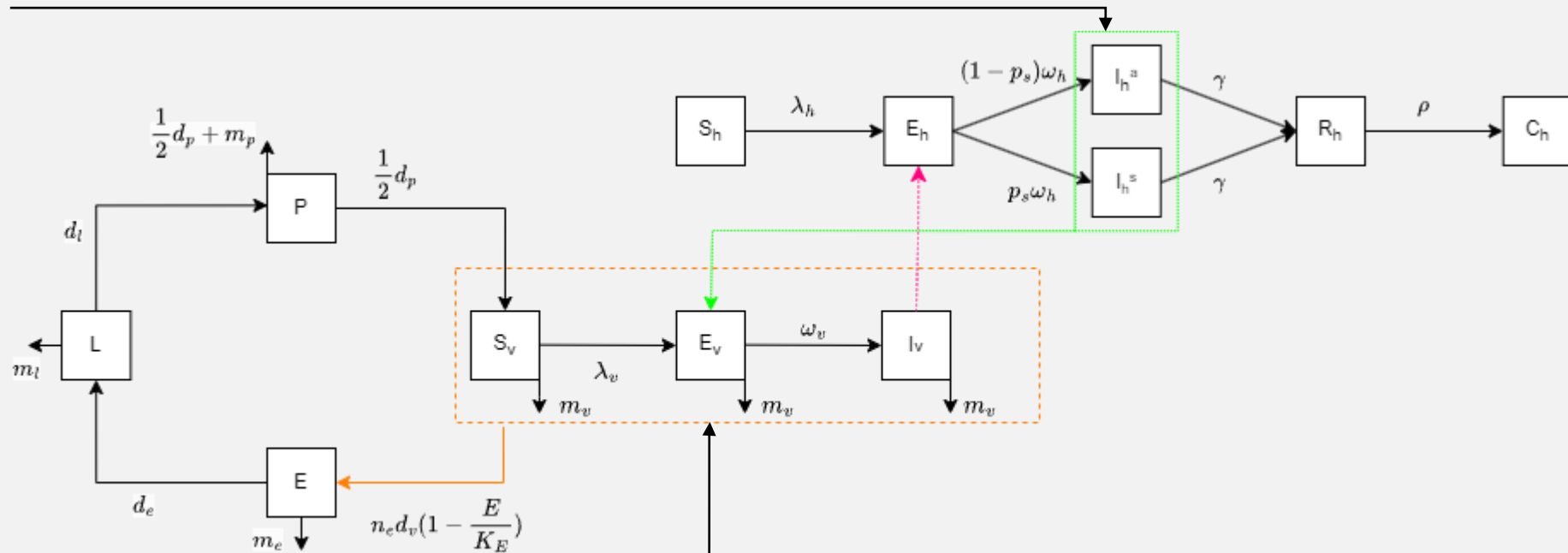
1. Vettori (SEI)
2. Egg
3. Larvae
4. Pupae

Analisi Modello Modello adottato



Analisi Modello Modello adottato

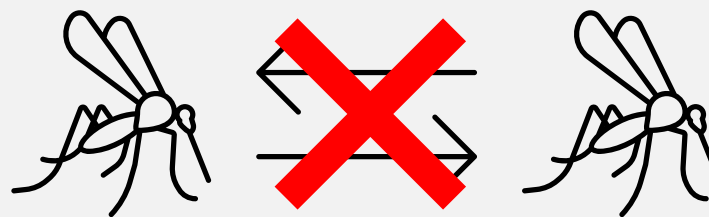
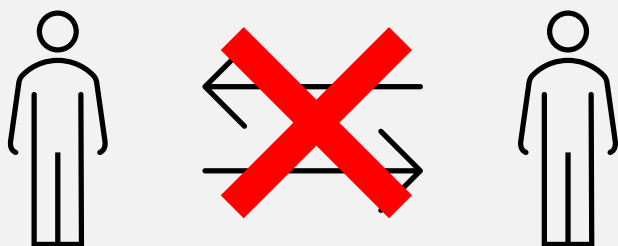
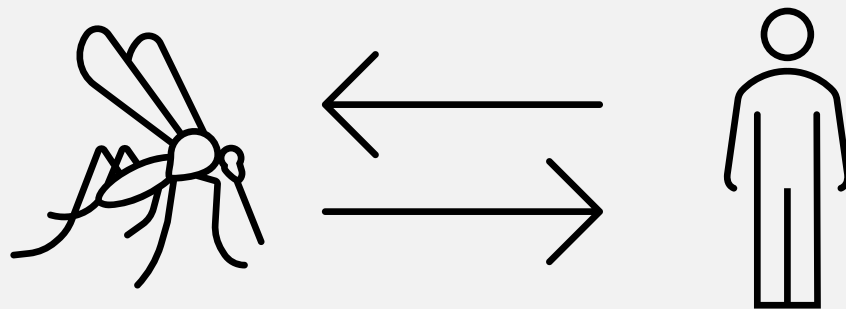
Ospiti Esposti dipendono dal contatto con Vettori infetti



Vettori Esposti dipendono dal contatto con Ospiti infetti

Analisi Modello Modello adottato

Il contagio del virus avviene biunivocamente solo tra Ospite – Vettore.

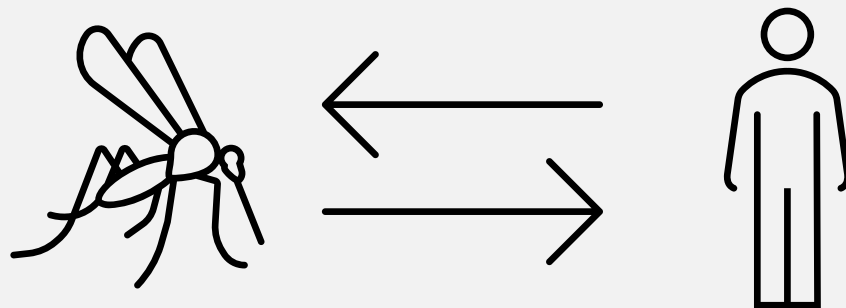


Analisi Modello Modello adottato

Il contagio del virus avviene biunivocamente solo tra Ospite – Vettore.

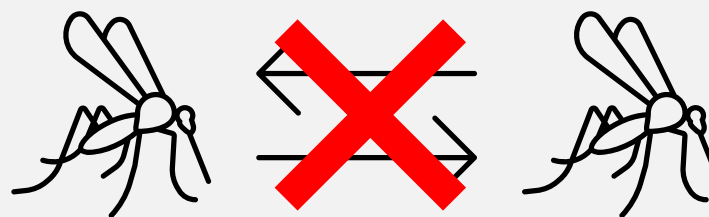
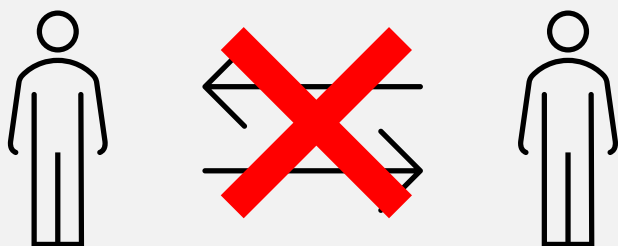
PRO:

- Contagi strettamente legate alla presenza di zanzare
- Si possono attuare delle prevenzioni e controlli mirati



CONTRO:

- Le zanzare risultano essere resistenti a qualsiasi azione di controllo storicamente compiuta come il DDT o il rilascio di zanzare geneticamente modificate



Analisi Modello Modello adottato - Equazioni



$$\frac{dS_u}{dt} = -\lambda_h S_u \quad \lambda_h = ab_h \frac{I_v}{N_h}$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \lambda_h S_h - \omega_h E_h$$

$$\frac{dI_h^a}{dt} = p_s \omega_h E_h - \gamma I_h^a$$

$$\frac{dI_h^s}{dt} = (1 - p_s) \omega_h E_h - \gamma I_h^s$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma (I_h^s + I_h^a) - \rho R_h$$

$$\frac{dC_h}{dt} = \rho R_h$$



$$\frac{dS_v}{dt} = \frac{1}{2} d_p P - m_v S_v - \lambda_v S_v \quad \lambda_v = ab_v \frac{I_h^a + I_h^s}{N_h}$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \lambda_v S_v - m_v E_v - \omega_v E_v$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \omega_v E_v - m_v I_v$$

b_h = Trasmissione Ospite infetto → Vettore suscettibile
 ω_v = Frequenza di Infezione



$$\frac{dE}{dt} = n_E d_v (1 - \frac{E}{K_E}) V - m_e E - d_e E$$

$$\frac{dL}{dt} = d_e E - m_l L - d_l L$$

$$\frac{dP}{dt} = m_l L - m_p P - d_p P$$

$$\frac{dV}{dt} = \frac{1}{2} d_p P - m_v V$$

a = Tasso di morsi
 b_h = Prob. trasmissione vettore infetto → ospite suscettibile
 ω_h = Frequenza di Infezione
 p_s = Probabilità di sviluppare i sintomi
 γ = $1/\gamma$ Periodo di incubazione
 ρ = Cronicizzazione della malattia

d_v = Sviluppo Vettore adulto
 d_e = Sviluppo Uova
 d_l = Sviluppo Larve
 d_p = Sviluppo Pupae

m_v = Morte Vettore adulto
 m_e = Morte Uova
 m_l = Morte Larve
 m_p = Morte Pupae

Analisi Modello Modello adottato - Equazioni



$$\frac{dS_u}{dt} = -\lambda_h S_u \quad \lambda_h = ab_h \frac{I_v}{N_h}$$

$$\frac{dE_h}{dt} = \lambda_h S_h - \omega_h E_h$$

$$\frac{dI_h^a}{dt} = p_s \omega_h E_h - \gamma I_h^a$$

$$\frac{dI_h^s}{dt} = (1 - p_s) \omega_h E_h - \gamma I_h^s$$

$$\frac{dR_h}{dt} = \gamma (I_h^s + I_h^a) - \rho R_h$$

$$\frac{dC_h}{dt} = \rho R_h$$

- a = Tasso di morsi
 b_h = Prob. trasmissione vettore infetto → ospite suscettibile
 ω_h = Frequenza di Infezione
 p_s = Probabilità di sviluppare i sintomi
 γ = $1/\gamma$ Periodo di incubazione
 ρ = Cronicizzazione della malattia



$$\frac{dS_z}{dt} = \frac{1}{2} d_p P - m_v S_v - \lambda_v S_v \quad \lambda_v = ab_v \frac{I_h^a + I_h^s}{N_h}$$

$$\frac{dE_v}{dt} = \lambda_v S_z - m_v E_v - \omega_v E_v$$

$$\frac{dI_v}{dt} = \omega_v E_v - m_v I_v$$

- b_h = Trasmissione Ospite infetto → Vettore suscettibile
 ω_v = Frequenza di Infezione



$$\frac{dE}{dt} = n_E d_v (1 - \frac{E}{K_E}) V - m_e E - d_e E$$

$$\frac{dL}{dt} = d_e E - m_l L - d_l L$$

$$\frac{dP}{dt} = m_l L - m_p P - d_p P$$

$$\frac{dV}{dt} = \frac{1}{2} d_p P - m_v V$$

Tassi dipendenti dalla temperatura

- d_v = Sviluppo Vettore adulto
 d_e = Sviluppo Uova
 d_l = Sviluppo Larve
 d_p = Sviluppo Pupae

- m_v = Morte Vettore adulto
 m_e = Morte Uova
 m_l = Morte Larve
 m_p = Morte Pupae

$$d_v(T) = p_1 T^2 - p_2 T + p_3$$

$$d_e(T) = p_1 - p_2 e^{-(T-20/p_3)^2}$$

$$d_l(T) = p_1 T^2 - p_2 T + p_3$$

$$d_p(T) = p_1 T^2 - p_2 T + p_3$$

$$m_v(T) = p_1 + p_2 e^{T-p_3}$$

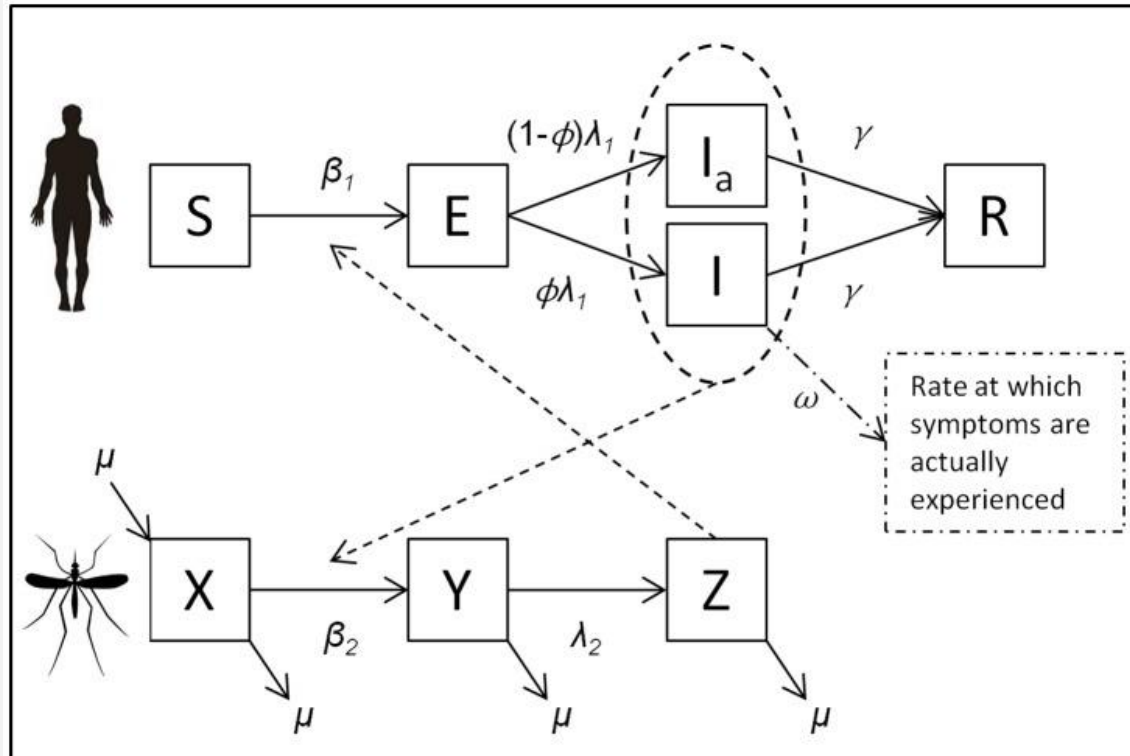
$$m_e(T) = p_1 - p_2 e^{-(T-25/p_3)^6}$$

$$m_l(T) = p_1 + p_2 e^{T-p_3}$$

$$m_p(T) = p_1 + p_2 e^{T-p_3}$$

Analisi Modello Modelli Letteratura

A Mathematical Model of Chikungunya Dynamics and Control: The Major Epidemic on Réunion Island 2013



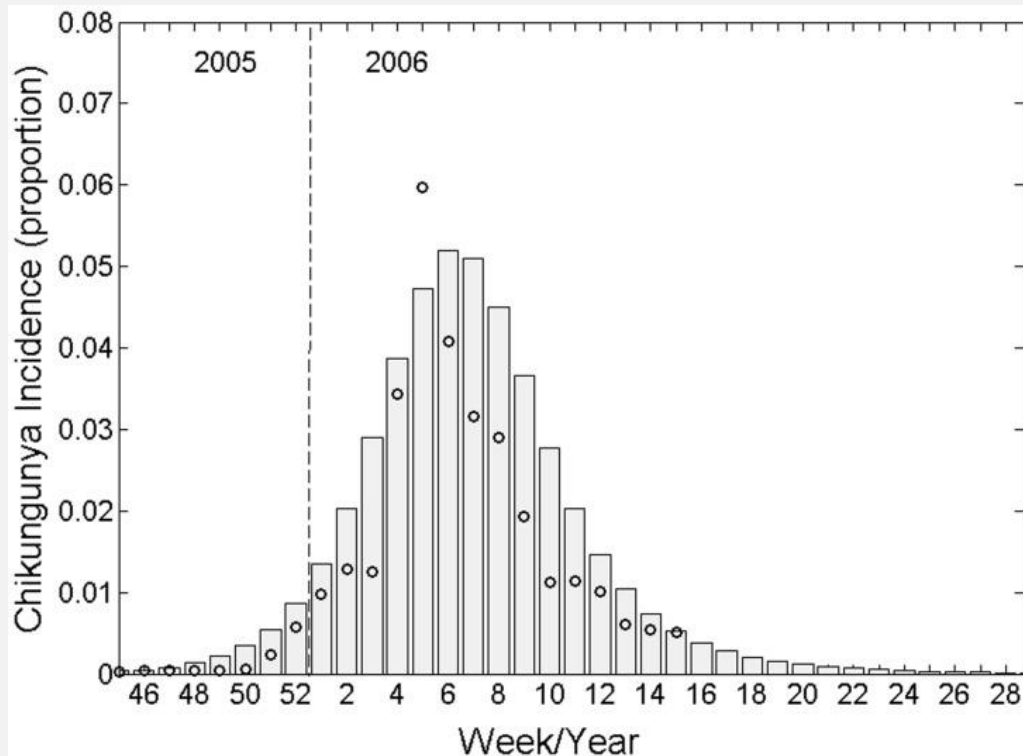
$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta_1 S Z \\ \frac{dE}{dt} &= \beta_1 S Z - \lambda_1 E \\ \frac{dI}{dt} &= \phi \lambda_1 E - \gamma I \\ \frac{dI_a}{dt} &= (1-\phi) \lambda_1 E - \gamma I_a \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma (I + I_a)\end{aligned}$$



$$\begin{aligned}\frac{dX}{dt} &= \mu - \beta_2 X (I + I_a) - \mu X \\ \frac{dY}{dt} &= \beta_2 X (I + I_a) - \lambda_2 Y - \mu Y \\ \frac{dZ}{dt} &= \lambda_2 Y - \mu Z\end{aligned}$$

Analisi Modello Modelli Letteratura

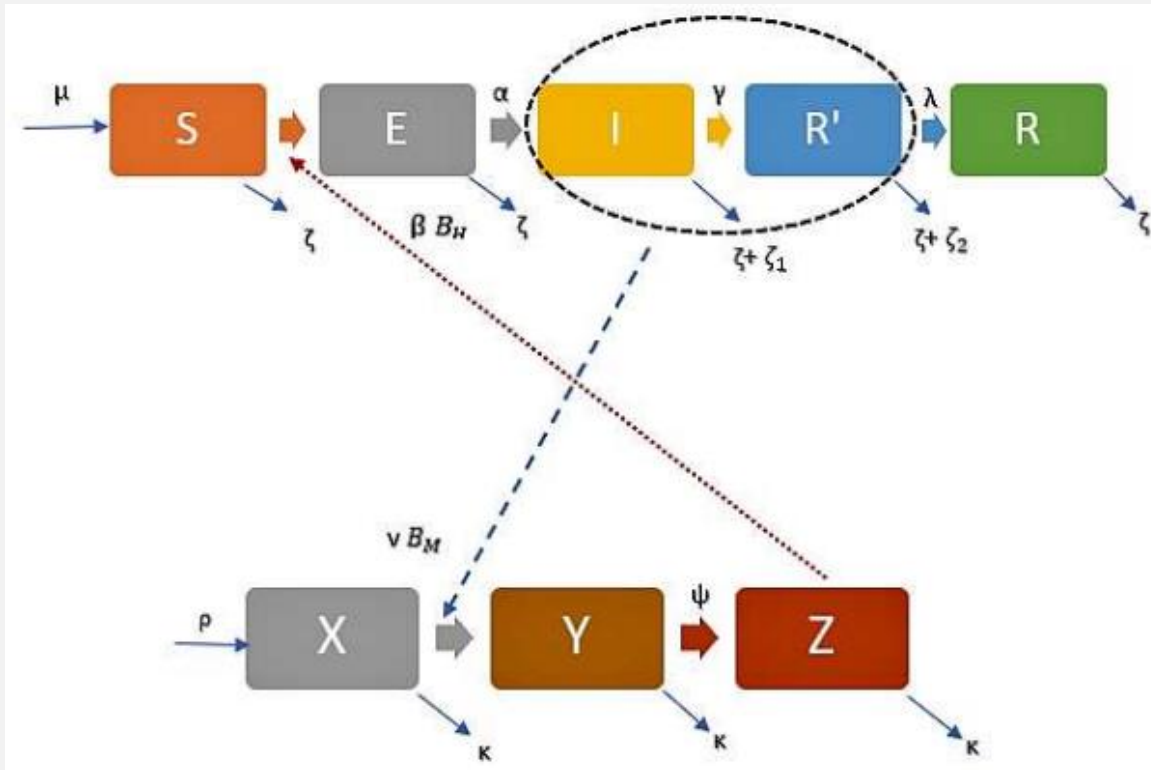
[A Mathematical Model of Chikungunya Dynamics and Control: The Major Epidemic on Réunion Island](#) [2013](#)



Mathematical model output (bars) fitted to weekly Chikungunya incidence data (circles) collected during the 2005–6 epidemic on Réunion island, Indian Ocean

Analisi Modello Modelli Letteratura

Mathematical Modeling of Chikungunya Dynamics: Stability and Simulation 2020



$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu - \frac{\beta B_H Z S}{N_H} - \zeta S, \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta B_H Z S}{N_H} - \alpha E - \zeta E, \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha E - \gamma I - (\zeta + \zeta_1) I, \\ \frac{dR'}{dt} &= \gamma I - \lambda R' - (\zeta + \zeta_2) R', \\ \frac{dR}{dt} &= \lambda R' - \zeta R,\end{aligned}$$



$$\begin{aligned}\frac{dX}{dt} &= \rho - \frac{\nu B_M (I + R') X}{N_H} - \kappa X, \\ \frac{dY}{dt} &= \frac{\nu B_M (I + R') X}{N_H} - \psi Y - \kappa Y, \\ \frac{dZ}{dt} &= \psi Y - \kappa Z.\end{aligned}$$

Analisi Modello Modelli Letteratura

Variables	Description
S	Susceptible human population.
E	Exposed human population. (Population that is infected but yet to show symptoms).
I	Infected Human population showing symptoms.
R'	Human population in recuperation phase.
R	Fully recovered human population.
X	Susceptible mosquito population.
Y	Exposed mosquito population. (carrying infection but not yet capable to spread it).
Z	Infectious mosquito population spreading the disease.

Parameters	Description
μ	Human birth rate.
β	Mosquito biting rate for transfer of infection from infectious mosquito class (Z) to susceptible human population (S).
α	Progression rate of exposed to infected human population.
γ	Progression rate of infected to recuperated human population.
λ	Progression rate of recuperated to fully recovered human population.
ρ	Mosquito birth rate.
ν	Mosquito biting rate for transfer of infection from infected human population(I) or population under recuperation phase (R') to susceptible mosquito population (X).
ψ	Progression rate from exposed to infectious mosquito population.
ζ	Natural death rate for human population.
ζ_1	Human death rate in infected stage due to viral infection.
ζ_2	Human death rate due to infection under recovery phase.
κ	Natural death rate for mosquito population.
B_H	Transmission probability per contact in susceptible humans.
B_M	Transmission probability per contact in susceptible mosquitoes.
N_H	Total human population, i.e. S+E+I+R'+R.

Mathematical Modeling of Chikungunya Dynamics: Stability and Simulation 2020



$$\frac{dS}{dt} = \mu - \frac{\beta B_H Z S}{N_H} - \zeta S,$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta B_H Z S}{N_H} - \alpha E - \zeta E,$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha E - \gamma I - (\zeta + \zeta_1) I,$$

$$\frac{dR'}{dt} = \gamma I - \lambda R' - (\zeta + \zeta_2) R',$$

$$\frac{dR}{dt} = \lambda R' - \zeta R,$$

$$\frac{dX}{dt} = \rho - \frac{\nu B_M (I + R') X}{N_H} - \kappa X,$$

$$\frac{dY}{dt} = \frac{\nu B_M (I + R') X}{N_H} - \psi Y - \kappa Y,$$

$$\frac{dZ}{dt} = \psi Y - \kappa Z.$$

Analisi Modello Modelli Letteratura

Mathematical Modeling of Chikungunya Dynamics: Stability and Simulation 2020

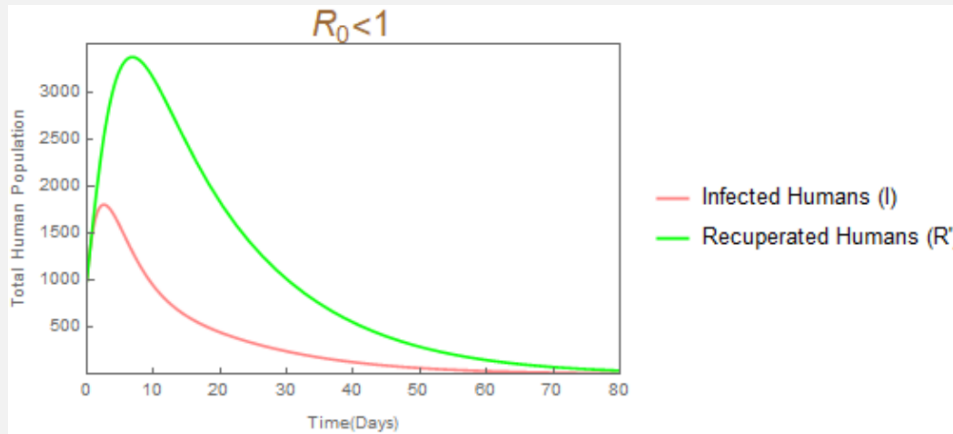


Figure 4: Total number of Infected (I) and Recuperated (R') Humans when $R_0 < 1$.

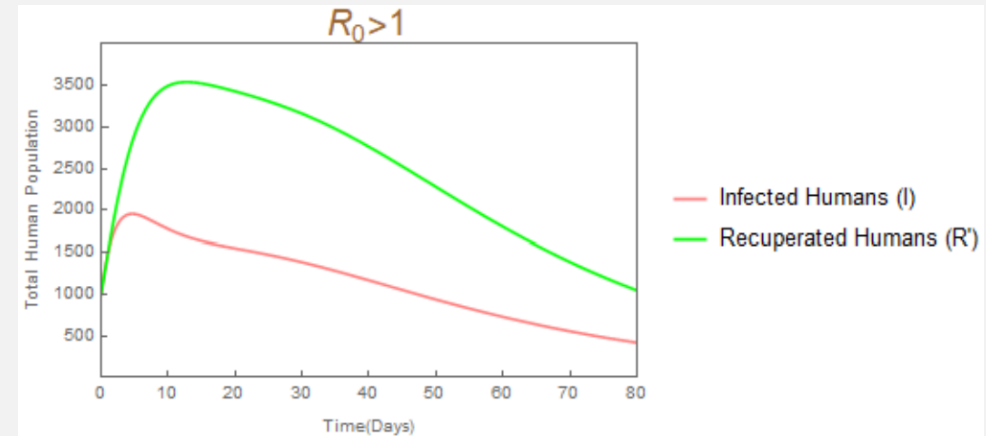


Figure 5: Total number of Infected (I) and Recuperated (R') Humans when $R_0 > 1$.

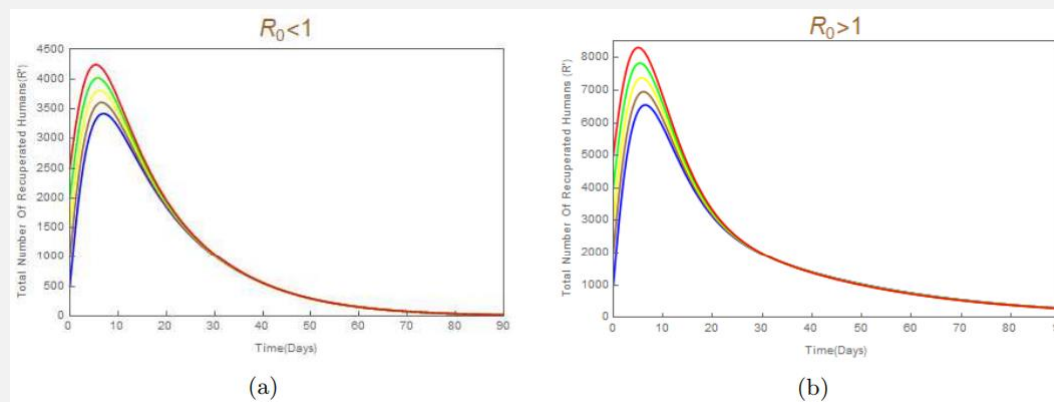
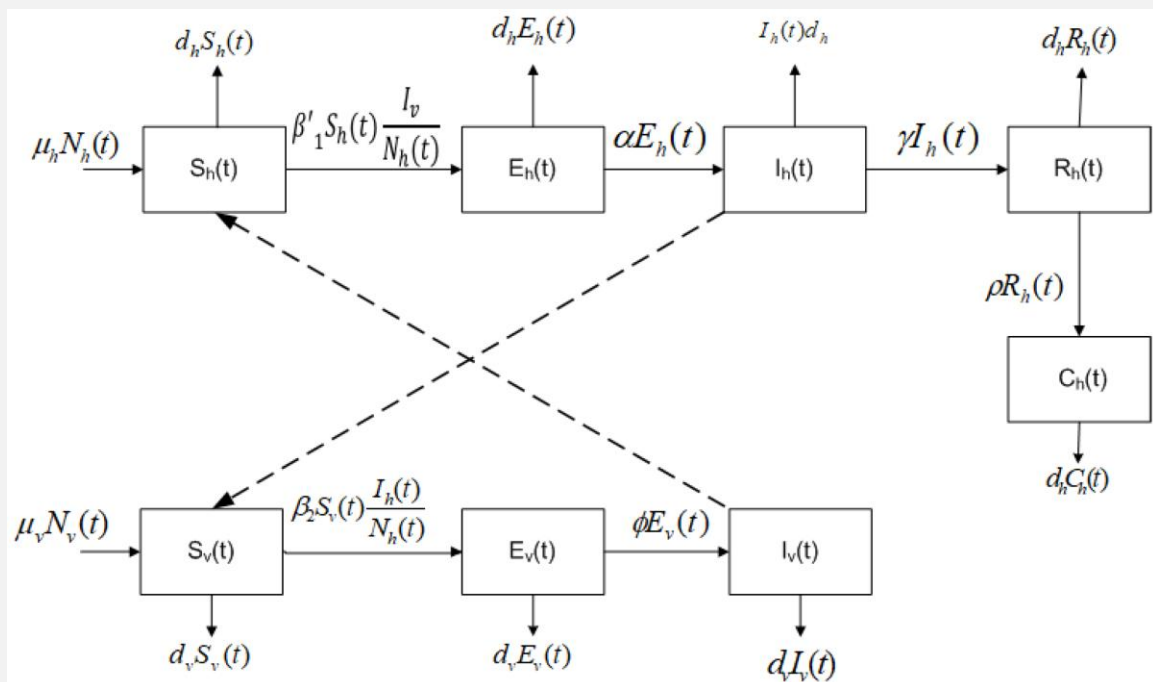


Figure 3: Total number of Recuperated Humans (R') with respect to time.

Analisi Modello Modelli Letteratura

Mathematical Modeling and Characterization of the Spread of Chikungunya in Colombia 2019



Dynamics of the Chikungunya virus with transmission vector.

The boxes represent the subpopulation and the arrows the transition between the subpopulations.

Arrows are labeled by their corresponding model parameters.

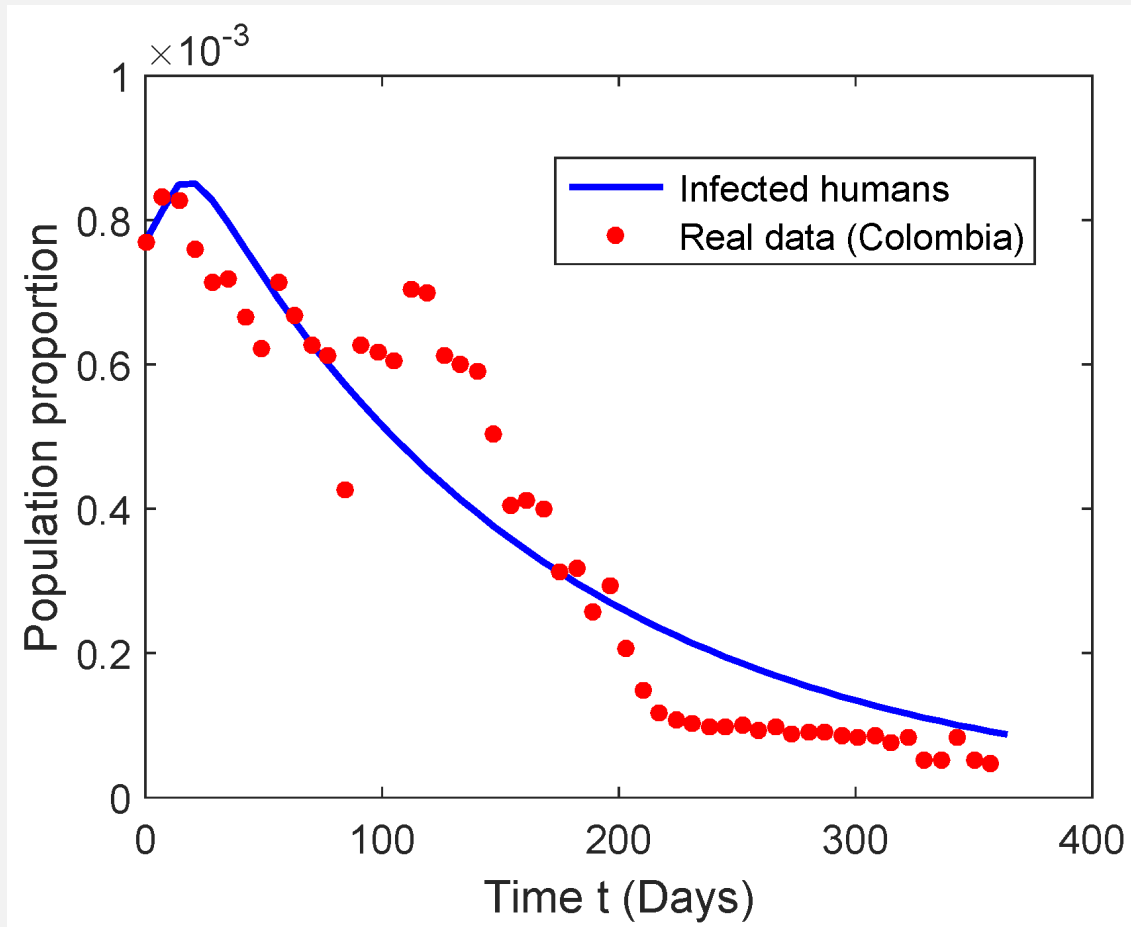


$$\begin{aligned}\dot{S}_h(t) &= \mu_h N_h(t) - S_h(t) \left(\beta'_1 \frac{I_v(t)}{N_h(t)} + d_h \right), \\ \dot{E}_h(t) &= \beta'_1 S_h(t) \frac{I_v(t)}{N_h(t)} - E_h(t) (d_h + \alpha), \\ \dot{I}_h(t) &= \alpha E_h(t) - I_h(t) [d_h + \gamma], \\ \dot{R}_h(t) &= \gamma I_h(t) - R_h(t) (\rho + d_h), \\ \dot{C}_h(t) &= \rho R_h(t) - d_h C_h(t),\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\dot{S}_v(t) &= \mu_v N_v(t) - S_v(t) \left(\beta_2 \frac{I_h(t)}{N_h(t)} + d_v \right), \\ \dot{E}_v(t) &= \beta_2 S_v(t) \frac{I_h(t)}{N_h(t)} - E_v(t) (d_v + \phi), \\ \dot{I}_v(t) &= \phi E_v(t) - d_v I_v(t).\end{aligned}$$

Analisi Modello Modelli Letteratura

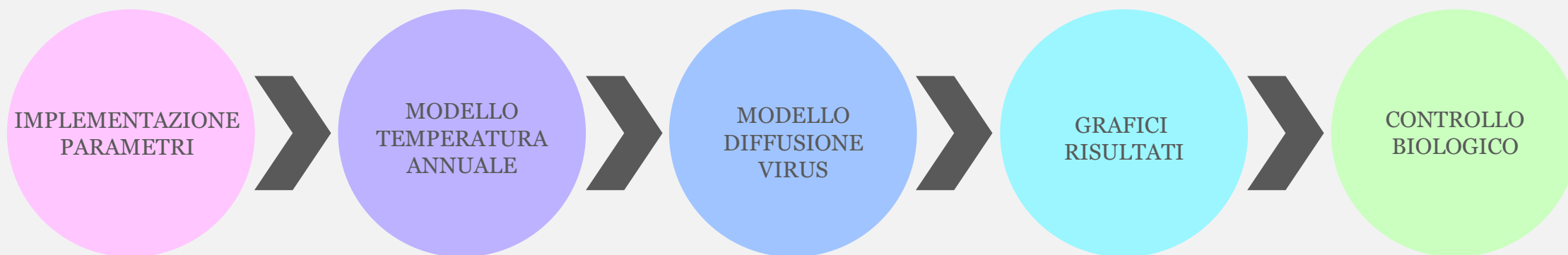
Mathematical Modeling and Characterization of the Spread of Chikungunya in Colombia 2019



Best fit of the Chikungunya mathematical model to the time-series data of Chikungunya in Colombia corresponding to the year 2015. Red points give the real data, and the blue line shows the best model fit. The best fit parameter values are given in the table. SSR, sum of squared errors.

Parameter	β_1	β_2	$i_v(0)$	SSR	R_0
Value	0.361	0.012	2.186×10^{-4}	4.701×10^{-7}	0.77

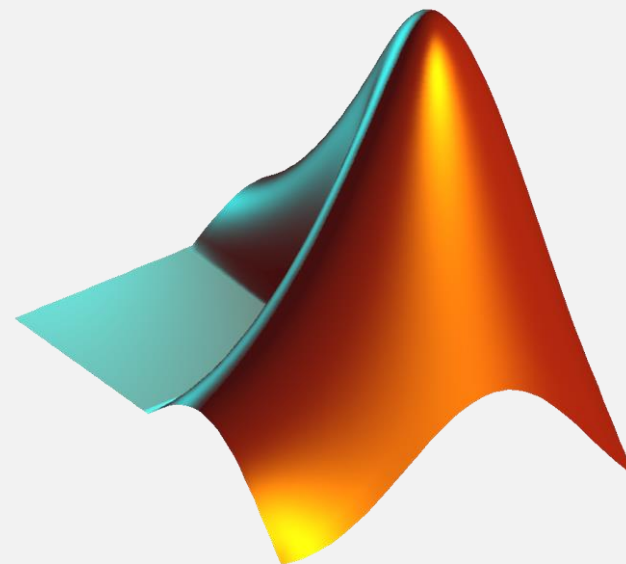
Modello Matlab



Modello Matlab

Il modello è stato sviluppato utilizzando Livescript, un ambiente che permette di combinare codice di MATLAB e testo.

Nella seguente presentazione, verrà fornita una rapida panoramica del processo seguito.
È importante sottolineare che il file stesso contiene una dettagliata spiegazione del codice implementato.



Modello Matlab

Temperatura

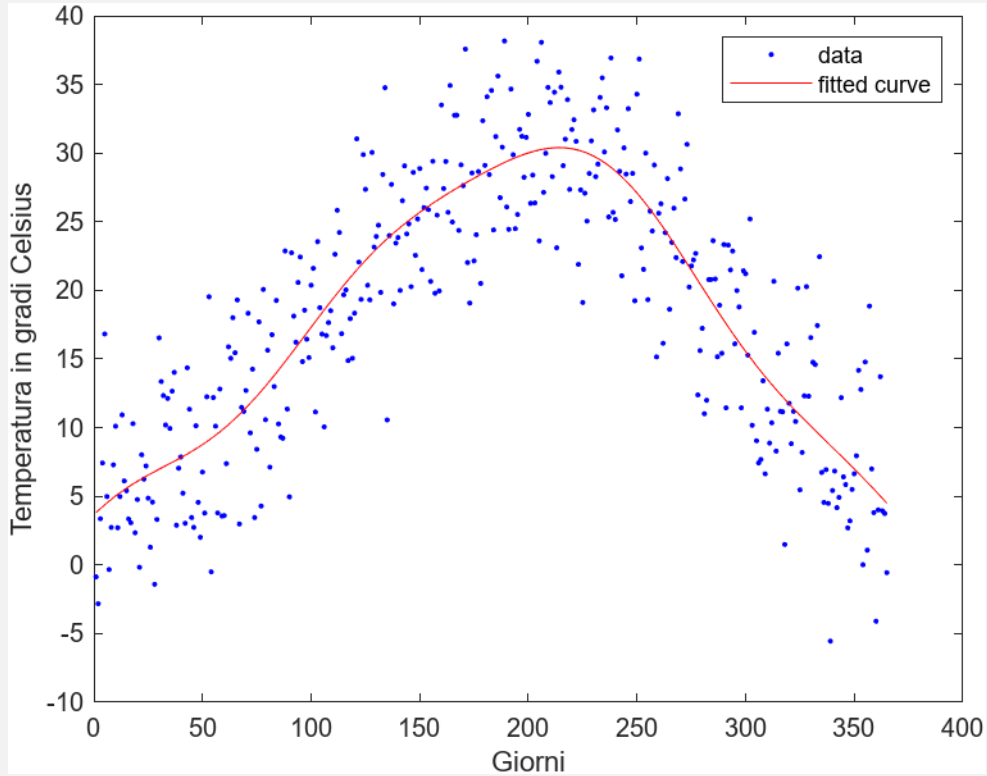
Il primo passo del processo è la raccolta di un dataset contenente le temperature medie mensili.

Viene ipotizzata una variazione mensile e attraverso questa ipotesi si generano le temperature giornaliere, le quali sono affette da un rumore bianco che si distribuisce attorno alla media mensile.

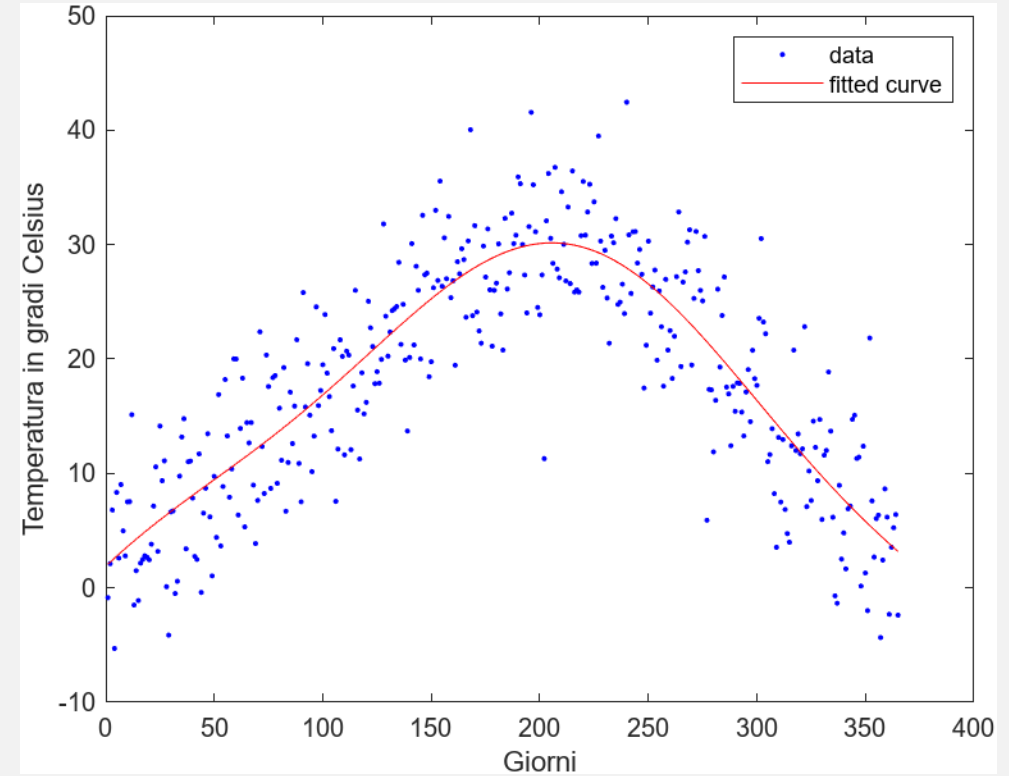
Infine, viene utilizzato il comando "fit" per ottenere la curva di interpolazione dei dati, che permette di approssimare e descrivere il comportamento complessivo delle temperature per ogni tempo t.

```
global fitresult
% Temperature medie Emilia-Romagna ultimi 30 anni
%      Gen Feb Mar Apr Mag Giu Lug Ago Set Ott Nov Dic
mesi = [ 1,  2,  3,  4,  5,  6,  7,  8,  9, 10, 11, 12];
Tmax = [ 5,  8, 13, 18, 23, 27, 30, 29, 25, 19, 11,  6]; [min_Tmax,max_Tmax] = bounds(Tmax);
del = [ 5,  5,  5,  5,  5,  5,  5,  5,  5,  5,  5,  5];
giorni=[31, 28, 31, 30, 31, 30, 31, 31, 30, 31, 30, 31];
% TEMPERATURE GIORNALIERE
temperatura_giorni = [];
for i=1:12
    temperatura_media_mensile = Tmax(i);
    dev = del(i);
    numero_giorni = giorni(i);
    temperatura_giorni =[temperatura_giorni, temperatura_media_mensile + dev * randn(1, numero_giorni)];
end
% INTERPOLAZIONE
V = double(1):double(sum(giorni));
[xData, yData] = prepareCurveData( V, temperatura_giorni );
ft = fittype( 'sin3' );
[fitresult, gof] = fit( xData, yData, ft);
h = plot(fitresult, xData, yData );
xlabel('Giorni');
ylabel('Temperatura in gradi Celsius');
```

Modello Matlab



Fitting con senoide di terzo ordine



Fitting con senoide di secondo ordine

Modello Matlab

Parametri

Per chiarezza di lettura del codice abbiamo suddiviso i parametri di progetto in 4 sezioni distinte:

- PARAMETRI GLOBALI
- CICLO DI VITA ZANZARE
- DINAMICA INFEZIONE VETTORE
- DINAMICA INFEZIONE OSPITE

Modello Matlab

Parametri

Per chiarezza di lettura del codice abbiamo suddiviso i parametri di progetto in 4 sezioni distinte:

- PARAMETRI GLOBALI
 - POLAZIONE TOTALE DEGLI OSPITI E VETTORI**
 - PERIODO DI INTEGRAZIONE**
 - SELEZIONE PER INSERIRE IL CONTROLLO PREDATORIA - PREDATORE**
- CICLO DI VITA ZANZARE
 - MORTALITA' STADI VETTORE**
 - SVILUPPO STADI VETTORE**
 - PARAMETRI OVIDEPOSIZIONE**
 - PREDATORE**
- DINAMICA INFEZIONE VETTORE
- DINAMICA INFEZIONE OSPITE

Modello Matlab

PARAMETRI GLOBALI

POLAZIONE TOTALE DEGLI OSPITI E VETTORI

```
% NUMERO TOTALE OSPITI %           % NUMERO TOTALE VETTORI %  
Nh = 60000;                        rap = ; % Rapporto zanzare/uomo  
Nv = rap*Nh;
```

PERIODO DI INTEGRAZIONE

```
% INIZIO PERIODO VALUTAZIONE %      % FINE PERIODO VALUTAZIONE %  
% IN GIORNI %                        % IN GIORNI %  
Inizio_Valutazione = ;      Fine_Valutazione = ;  
  
tspan = [Inizio_Valutazione  Fine_Valutazione ]; % In GIORNI
```

MODELLO CON CONTROLLO PREDI - PREDATORE

```
controllo = .
```


Modello Matlab

DINAMICA VETTORE - ZANZARA

MORTALITA' STADI VETTORE

I tassi di mortalità delle zanzare sono espressi come funzioni che dipendono dalla temperatura.

È stata creata una funzione denominata temp(t), dove il tempo t viene utilizzato come parametro di ingresso.

Grazie alla curva di interpolazione precedentemente creata, siamo in grado di determinare la temperatura specifica nel momento t.

$$m_E(T) = p_1 - p_2 e^{\frac{(T-25)^6}{p_3}} \quad p_1 = 506 \quad p_2 = 506 \quad p_3 = 27.3$$

$$m_L(T) = p_1 + p_2 e^{T-p_3} \quad p_1 = 0.029 \quad p_2 = 858 \quad p_3 = 43.4$$

$$m_P(T) = p_1 + p_2 e^{T-p_3} \quad p_1 = 0.021 \quad p_2 = 37 \quad p_3 = 36.8$$

$$m_V(T) = p_1 + p_2 e^{T-p_3} \quad p_1 = 0.031 \quad p_2 = 95820 \quad p_3 = 50.4$$

```
tassi = m_rate(Inizio_Valutazione);
m_E = tassi (1);
m_L = tassi (2);
m_P = tassi (3);
m_V = tassi (4);
```

Modello Matlab

SVILUPPO STADI VETTORE

$$d_e(T) = p_1 - p_2 e^{-\frac{(T-20)^2}{p_3}}$$

$$p_{1e} = 6.9; \quad p_{2e} = 4.0; \quad p_{3e} = 4.1;$$

$$d_l(T) = p_1 T^2 - p_2 T + p_3$$

$$p_{1l} = 0.12; \quad p_{2l} = -6.6; \quad p_{3l} = 98;$$

$$d_p(T) = p_1 T^2 - p_2 T + p_3$$

$$p_{1p} = 0.027; \quad p_{2p} = -1.7; \quad p_{3p} = 27.7;$$

$$d_v(T) = p_1 T^2 - p_2 T + p_3$$

$$p_{1v} = 0.046; \quad p_{2v} = -2.77; \quad p_{3v} = 45.3;$$

$$p_{1_E} = 6.9; \quad p_{2_E} = 4.0; \quad p_{3_E} = 4.1;$$

$$p_{1_L} = 0.12; \quad p_{2_L} = -6.6; \quad p_{3_L} = 98;$$

$$p_{1_P} = 0.027; \quad p_{2_P} = -1.7; \quad p_{3_P} = 27.7;$$

$$p_{1_V} = 0.046; \quad p_{2_V} = -2.77; \quad p_{3_V} = 45.3;$$

% TASSO DI SVILUPPO IN FUNZIONE DELLA TEMPERATURA

```
develop = d_rate(Inizio_Valutazione);
```

```
    d_V = develop(1);    % Sviluppo Adulti
```

```
    d_E = develop(2);    % Sviluppo Uova
```

```
    d_L = develop(3);    % Sviluppo Larve
```

```
    d_P = develop(4);    % Sviluppo Pupae
```

Modello Matlab

PARAMETRI OVIDEPOSIZIONE

% PARAMETRI SU OVIDEPOSIZIONE

n_E = ;

% Numero di uova per ovideposizione -> range [50 - 75]

Ke = ;

% Capacità di carico uova -> range [66500 - 266000]

PREDATORE

r = 0.01;

% tasso di crescita

c = 0.1;

% convention efficiency

Kp = 2000;

% capacità trasporto pesce

H = 0.9;

% harvesting effort catching fish region 1

q = 0.4;

% catchability fish

alpha_1 = 0.2;

% dipendenza lineare della caccia

alpha_2 = 0.5;

% frazione di pesci che vengono trasportati dalla regione 1 a regione 2

ni = 0.1;

% densità della regione 1

m_d = 0.02;

% Mortalità per densità

param_PRED = [r,c,Kp,H,q,alpha_1,alpha_2,ni];

Modello Matlab

DINAMICA INFEZIONE

DINAMICA INFEZIONE OSPITE \Rightarrow VETTORE

a = ; % Tasso morsi in Europa

b_V = 0.9 ; % Probabilità trasmissione uomo infetto \rightarrow zanzara suscettibile [70 - 100]

ω_V = ; % $1/\omega$ Periodo di incubazione in giorni [2 - 3]

DINAMICA INFEZIONE VETTORE \Rightarrow OSPITE

% Parametro del tasso di morso condiviso con la dinamica ospite \rightarrow vettore

b_h = 0.6 ; % Probabilità trasmissione vettore infetto \rightarrow uomo suscettibile [50 - 80]%

ω_h = ; % $1/\omega$ Periodo di incubazione in giorni [2 - 4]

p_s = 0.5 ; % Probabilità di sviluppare sintomi

γ = 1/15; % $1/\gamma$ Periodo di infezione [15] giorni

ρ_h = 1/300*0.1; % $1/\rho_h$ Tempo di cronicizzazione malattia [300] giorni

% 10% di probabilità di cronicizzazione

Modello Matlab

Condizioni Iniziali

Le condizioni iniziali di diffusione del virus rappresentano le circostanze e le variabili che influenzano la diffusione di un agente infettivo all'inizio di un'epidemia o di una pandemia. Queste condizioni sono cruciali per comprendere come il virus si propaghi e come si sviluppi nel corso del tempo.

CONDIZIONI INIZIALI

```
% SEIRC - Ospite
Sh0 = Nh-200; Eh0 = 0; Iah0 = 200; Ish0 = 0; Rh0 = 0; Ch0 = 0;

% SEI - Vettore
Sv0 = Nv-800; Ev0 = 0; Iv0 = 800;

% Ciclo Vita Vettore
E0 = 1000; L0=2000; P0=3000;

% Predatore
Pe0 = 10;

% Raccolgo in forma vettoriale
if controllo == 0 % Se non considero controllo biologico trascuro le condizioni iniziali dei predatori
    y0 = [Sh0; Eh0; Iah0; Ish0; Rh0; Ch0; Sv0; Ev0; Iv0; E0; L0; P0];
else
    y0 = [Sh0; Eh0; Iah0; Ish0; Rh0; Ch0; Sv0; Ev0; Iv0; E0; L0; P0; Pe0];
end
```

Modello Matlab

Dinamica Modello

Risoluzione equazioni differenziali con ode45

```
if controllo == 0 % Richiamo la funzione senza Controllo biologico
    [t,y] = ode45(@(t,y) seir(t,y, Nh,a,b_V,omega_V,b_h,omega_h,ps,gamma,rho_h,n_E,Ke),tspan,y0);

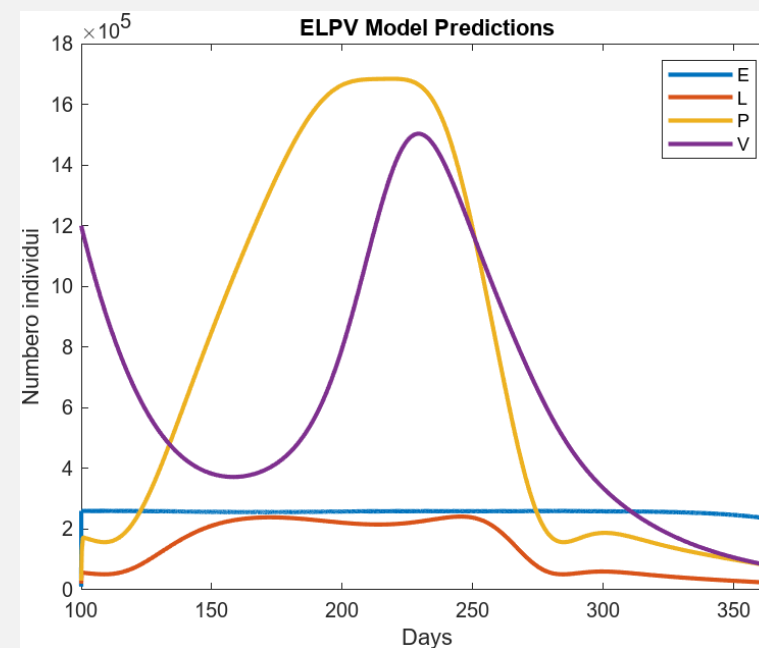
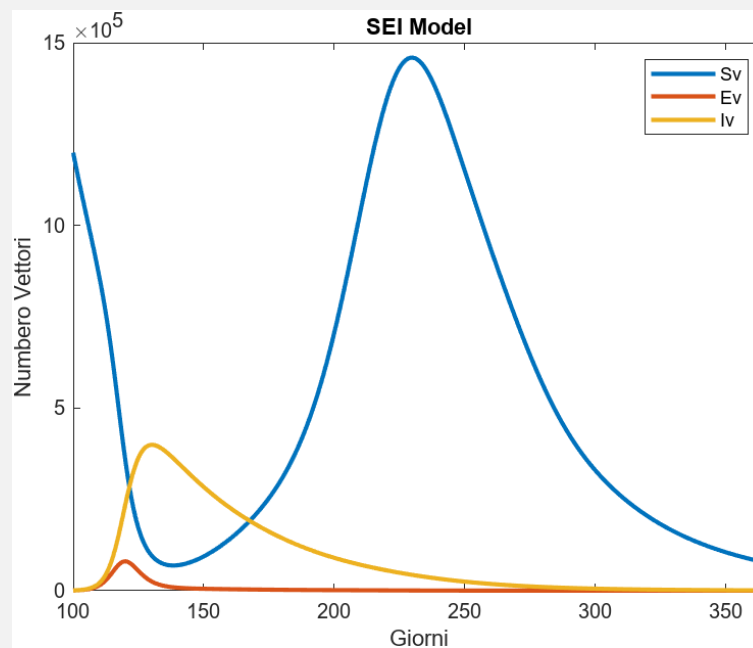
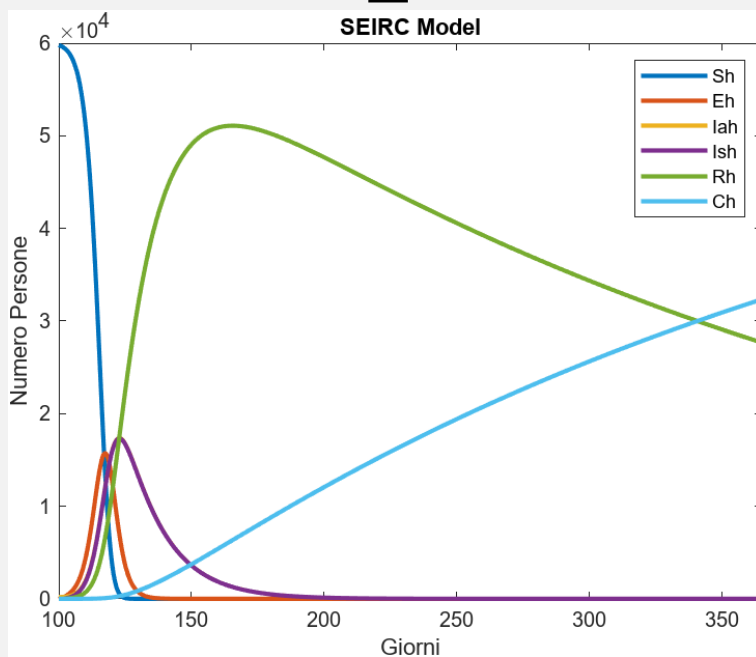
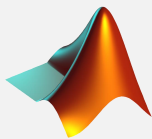
else % Richiamo la funzione con Controllo biologico
    [t,y] = ode45(@(t,y) seir_ctrl(t,y, Nh,a,b_V,omega_V,b_h,omega_h,ps,gamma,m_d,rho_h,n_E,Ke,r,c,Kp,H,q,alpha_1,alpha_2,ni),tspan,y0);
end
```

La funzione **ode45** in MATLAB è uno strumento potente per risolvere equazioni differenziali ordinarie (EDO) di primo e secondo ordine. "ODE" sta per "Ordinary Differential Equation" (equazione differenziale ordinaria) e "45" indica il metodo di integrazione numerica di quarto e quinto ordine utilizzato da questa funzione.

`[t, y] = ode45(fun, tspan, y0)` restituisce due output: **t** è un vettore contenente i tempi di campionamento in cui la soluzione è stata calcolata, e **y** è una matrice in cui ogni colonna rappresenta il valore delle variabili di stato corrispondente in corrispondenza dei tempi di campionamento.

- **fun** è una funzione MATLAB che descrive l'ODE da risolvere, restituisce la derivata delle variabili di stato rispetto al tempo.
- **tspan** è un vettore che specifica l'intervallo di tempo su cui si desidera risolvere l'ODE.
- **y0** è il vettore delle condizioni iniziali per le variabili di stato nell'istante di tempo **to**.

Modello Matlab



Modello Matlab

Funzioni dei Modelli SEIRC - SEI - ELPV senza controllo biologico

```
function dydt = seir(t,y,Nh, a, b_V, omega_V, b_h, omega_h, ps, gamma, rho_h, n_E, Ke)

M = m_rate(t);
D = d_rate(t);

Sh = y(1); Eh = y(2); Iah = y(3); Ish = y(4); Rh = y(5); Ch = y(6);
Sv = y(7); Ev = y(8); Iv = y(9);
E = y(10); L = y(11); P = y(12);

%% DINAMICA INFEZIONE OSPITE - UOMO %%
dSh = -(a*b_h*Iv/Nh)*Sh ;
dEh = (a*b_h*Iv/Nh)*Sh -omega_h*Eh ;
dIah = ps*omega_h*Eh -gamma*Iah ;
dIsh = (1 - ps)*omega_h*Eh -gamma*Ish ;
dRh = gamma*(Iah+Ish) -rho_h*Rh ;
dCh = rho_h*Rh ;

%% DINAMICA INFEZIONE VETTORE - ZANZARA %%
dSv = 0.5*M(3)*P -M(4)*Sv -(a*b_V*(Iah+Ish)/Nh)*Sv;
dEv = (a*b_V*(Iah+Ish)/Nh)*Sv -M(4)*Ev -omega_V*Ev;
dIv = omega_V*Ev -M(4)*Iv;

%% DINAMICA VETTORE - ZANZARA %%
dE = n_E*D(4)*(1-(E/Ke))*(Sv+Ev+Iv) -M(1)*E -D(1)*E;
dL = D(1)*E -M(2)*L -D(2)*L;
dP = D(2)*L -M(3)*P -D(3)*P;

%% OUTPUT
dydt = [dSh; dEh; dIah; dIsh; dRh; dCh; dSv; dEv; dIv; dE; dL; dP];
end
```

Funzioni dei Modelli SEIRC - SEI - ELPV con controllo biologico

```
function dydt = seir_ctrl(t,y,Nh,a,b_V,omega_V,b_h,omega_h,ps,gamma,m_d,rho_h,n_E, Ke,r,c,Kp,H,q,alpha_1,alpha_2,ni)

M = m_rate(t);
D = d_rate(t);

Sh = y(1); Eh = y(2); Iah = y(3); Ish = y(4); Rh = y(5); Ch = y(6);
Sv = y(7); Ev = y(8); Iv = y(9);
E = y(10); L = y(11); P = y(12);
Pe = y(13);

%% DINAMICA INFEZIONE OSPITE - UOMO %%
dSh = -(a*b_h*Iv/Nh)*Sh ;
dEh = (a*b_h*Iv/Nh)*Sh -omega_h*Eh ;
dIah = ps*omega_h*Eh -gamma*Iah ;
dIsh = (1 - ps)*omega_h*Eh -gamma*Ish ;
dRh = gamma*(Iah+Ish) -rho_h*Rh ;
dCh = rho_h*Rh ;

%% DINAMICA INFEZIONE VETTORE - ZANZARA %%
dSv = 0.5*M(3)*P -M(4)*Sv -(a*b_V*(Iah+Ish)/Nh)*Sv;
dEv = (a*b_V*(Iah+Ish)/Nh)*Sv -M(4)*Ev -omega_V*Ev;
dIv = omega_V*Ev -M(4)*Iv;

%% DINAMICA VETTORE - ZANZARA %%
dE = n_E*D(4)*(1-(E/Ke))*(Sv+Ev+Iv) -M(1)*E -D(1)*E;
dL = D(1)*E -M(2)*L -D(2)*L -m_d*L*L -alpha_1*L*ni -alpha_2*alpha_1*L*(1-ni)*q*H*Pe;
dP = D(2)*L -M(3)*P -D(3)*P;

%% PREDATORE
dPe = r*Pe*(1-Pe/Kp) + c*alpha_1*L*ni*Pe -q*H*Pe;

%% OUTPUT
dydt = [dSh; dEh; dIah; dIsh; dRh; dCh; dSv; dEv; dIv; dE; dL; dP; dPe];
end
```


Modello Matlab

Indice di Riproduzione di Base R_0

Termine utilizzato in epidemiologia per descrivere la capacità di diffusione di una malattia infettiva quando non sono presenti misure di controllo.

Rappresenta il numero stimato di nuove infezioni causate da un singolo individuo in una popolazione suscettibile, all'inizio di un'epidemia o in assenza di interventi per controllare la diffusione.

Nel modello sono stati usati due metodi per determinare questo indice:

1. **Matrice della Prossima Generazione:** Questo metodo coinvolge una analisi matematica che tiene conto delle interazioni tra gli individui infetti e suscettibili.
2. **Approccio basato su singoli casi:** Questo metodo calcola il R_0 osservando direttamente la diffusione della malattia in una popolazione. Si tiene traccia dei nuovi casi generati da un individuo infetto e si calcola il numero medio di nuove infezioni da esso causate.

Modello Matlab

Next Generation Matrix (NGM)

Se impostiamo $x = (E_h, I_h, E_v, I_v)^T$ vogliamo ora scrivere il sottosistema di infezione linearizzato nella forma:

$$\dot{x} = (T + \Sigma)x$$

La matrice di trasmissione T , indica il passaggio del patogeno tra tutte le fasi del sottosistema di infezione.

$$T = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & \beta_1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

La matrice di transizione Σ , indica tutte le altre transizioni da e verso il sottosistema di infezione.

$$\Sigma = \begin{bmatrix} -\omega_h & 0 & 0 & 0 \\ \omega_h & -\gamma & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(m_v\omega_v) & 0 \\ 0 & 0 & \omega_v & -m_v \end{bmatrix}$$

la NGM sarà quindi definita come:

$$K = -T\Sigma^{-1}$$

l'indice R_0 si ricava dal raggio spettrale di K

$$R_0 = \rho(K)$$

```
beta_1 = a*b_h*(Nv/Nh);
beta_2 = a*b_v;
```

```
T = [ 0      0      0      beta_1;
      0      0      0      0;
      0      beta_2  0      0;
      0      0      0      0];
```

```
SIGMA = [ -omega_h    0      0      0 ;
           omega_h    -gamma    0      0 ;
           0          0  -(m_v*omega_v)  0 ;
           0          0    omega_v    -m_v];
```

```
SIGMA_inv = inv(SIGMA);
```

```
R0_GM = max(abs(eig(-T*SIGMA_inv)));
```

Modello Matlab

CASO SINGOLI VETTORI

La media del numero di ospiti infettati direttamente dall'introduzione di un singolo vettore infettivo in una popolazione di ospiti completamente suscettibili è determinata dalla probabilità di trasmissione ($a b_h$) moltiplicata dalla durata dell'infezione del vettore adulto (cioè l'intera durata della vita) $\frac{1}{m_v}$.

$$R_0^{VH} = \frac{a b_h}{m_v}$$

Il numero medio di vettori infettati da un singolo ospite infetto dipende dalla probabilità di trasmissione, dal numero iniziale di zanzare per umano e dal periodo di latenza e di contagiosità umana. Questo valore rappresenta la potenziale diffusione dell'infezione in una popolazione di vettori completamente suscettibili.

$$R_0^{HV} = a b_v \frac{N_v}{N_h} \frac{\omega_v}{\omega_v + m_v} \frac{1}{\gamma}$$

$$R_0 = R_0^{HV} \cdot R_0^{VH} = a^2 b_v b_h \frac{N_v}{N_h} \frac{\omega_v}{\omega_v + m_v} \frac{1}{\gamma m_v}$$

```
R0VH = a*b_h/m_V;
```

```
R0HV = a*b_V *(Nv/Nh) * (omega_V/(omega_V+m_V)) * 1/gamma;
```

```
R0_SV = R0HV*R0VH;
```

Modello Matlab

☞☞ *L'equazione a singoli vettori , tuttavia, rappresenta il parametro di soglia di un modello semplificato (con una costante).*

Pertanto, per calcolare , assumiamo una popolazione costante di vettori, pari al valore medio previsto dal modello nella fase iniziale dell'epidemia, ossia dal 21 giugno al 26 luglio 2007.

Utilizzando il metodo della matrice della prossima generazione , otteniamo il numero di casi secondari generati sia negli ospiti che nei vettori, che corrisponde alla radice quadrata dell'equazione proposta.

☞☞

Dunque possiamo verificare l'attendibilità dei risultati andando a confrontare i due indici.

Attendibilità dei risultati:

I due metodi proposti differiscono nel calcolo dell'indice R_0 .

Nel primo metodo, l'indice R_0 viene calcolato utilizzando la matrice della "Next Generation" (matrice NGM), mentre nel secondo metodo viene utilizzato il "metodo del singolo vettore".

Una differenza significativa. il valore con NGM è pari alla radice quadrata del metodo singolo vettore.

```
fprintf("R0 Single Vector " ); disp(R0_SV);
```

```
R0 Single Vector    307.5451
```

```
fprintf("R0 NGM al quadrato "); disp(R0_GM*R0_GM);
```

```
R0 NGM al quadrato    307.5451
```

Modello Matlab

☞☞ *L'equazione a singoli vettori , tuttavia, rappresenta il parametro di soglia di un modello semplificato (con una costante).*

Pertanto, per calcolare , assumiamo una popolazione costante di vettori, pari al valore medio previsto dal modello nella fase iniziale dell'epidemia, ossia dal 21 giugno al 26 luglio 2007.

Utilizzando il metodo della matrice della prossima generazione , otteniamo il numero di casi secondari generati sia negli ospiti che nei vettori, che corrisponde alla radice quadrata dell'equazione proposta.

☞☞

Dunque possiamo verificare l'attendibilità dei risultati andando a confrontare i due indici.

Attendibilità dei risultati:

I due metodi proposti differiscono nel calcolo dell'indice R_0 .

Nel primo metodo, l'indice R_0 viene calcolato utilizzando la matrice della "Next Generation" (matrice NGM), mentre nel secondo metodo viene utilizzato il "metodo del singolo vettore".

Una differenza significativa. il valore con NGM è pari alla radice quadrata del metodo singolo vettore.

```
fprintf("R0 Single Vector " ); disp(R0_SV);
```

```
R0 Single Vector    307.5451
```

```
fprintf("R0 NGM al quadrato "); disp(R0_GM*R0_GM);
```

```
R0 NGM al quadrato    307.5451
```

Modello Matlab

Analisi Sensibilità

L'analisi di sensibilità è stata un processo complesso da eseguire a causa della scarsità di strumenti di sensibilità disponibili per gli script di MATLAB. La maggior parte di questi strumenti è progettata per essere utilizzata in Simulink, e non direttamente negli script.

Di conseguenza, è stata eseguita un'analisi di sensibilità alla base, cercando di lavorare con le risorse disponibili.

Si è impostata una variazione percentuale identica per ciascun parametro e si è esaminato come questa variazione influisse sull'indice R_o .

è calcolata la media delle variazioni dell'indice per ciascun parametro.

In pratica, maggiore è stata la deviazione dell'indice R_o causata da un determinato parametro, maggiore è stata considerata la sua sensibilità nell'influenzare l'output del modello.

Modello Matlab

Analisi Sensibilità

ANALISI SENSIBILITA' PARAMETRICA

```
var = 10; % percentuale
N = 100; % Numero campioni

param_1 = a      ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_2 = b_h    ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_3 = b_V    ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_4 = Nv     ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_5 = Nh     ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_6 = omega_V ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_7 = m_V    ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];
param_8 = gamma  ;%* [(1-var/100) (1+var/100)];

val_prova=[];
parametri_riferimento = [a, b_h, b_V, Nv, Nh, omega_V, m_V, gamma];
num_parametri = size(parametri_riferimento,2);
```

Inizializzazione dei parametri, impostiamo la percentuale di variazione usata ad ogni parametro e il numero di campioni, tutti equidistanti fra loro nell'intervallo assegnato

Modello Matlab

Analisi Sensibilità

```
% Inizializzazione delle percentuali di cambiamento
percentuali_cambiamento = zeros(N, num_parametri);
R_norm = index(parametri_riferimento(1), parametri_riferimento(2), parametri_riferimento(3), parametri_riferimento(4), parametri_riferimento(5),
media_percentuali_cambiamento=zeros(1,num_parametri);

for i=1:num_parametri
    val_prova = transpose( linspace( eval("param_"+ num2str(i))*(1-var/100),eval("param_"+num2str(i))*(1+var/100),N));
    parametri = parametri_riferimento;
    for j=1:N
        %calcolo R_nuovo
        parametri(i) = val_prova(j);
        R_sens = index(parametri(1), parametri(2), parametri(3), parametri(4), parametri(5), parametri(6),parametri(7),parametri(8));

        percentuale_cambiamento = abs((R_sens - R_norm) / R_norm) * 100;
        percentuali_cambiamento(j,i) = percentuali_cambiamento(j,i) + percentuale_cambiamento;

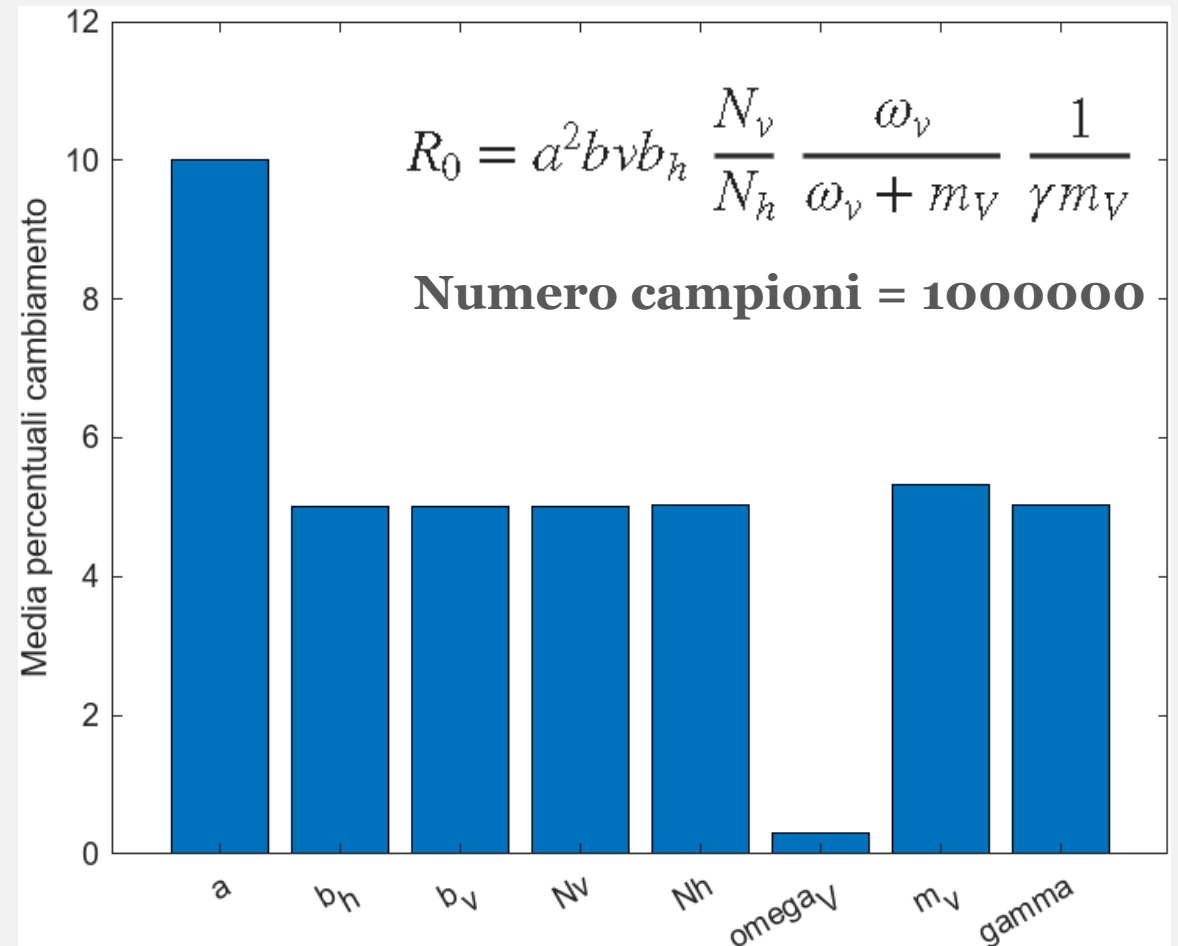
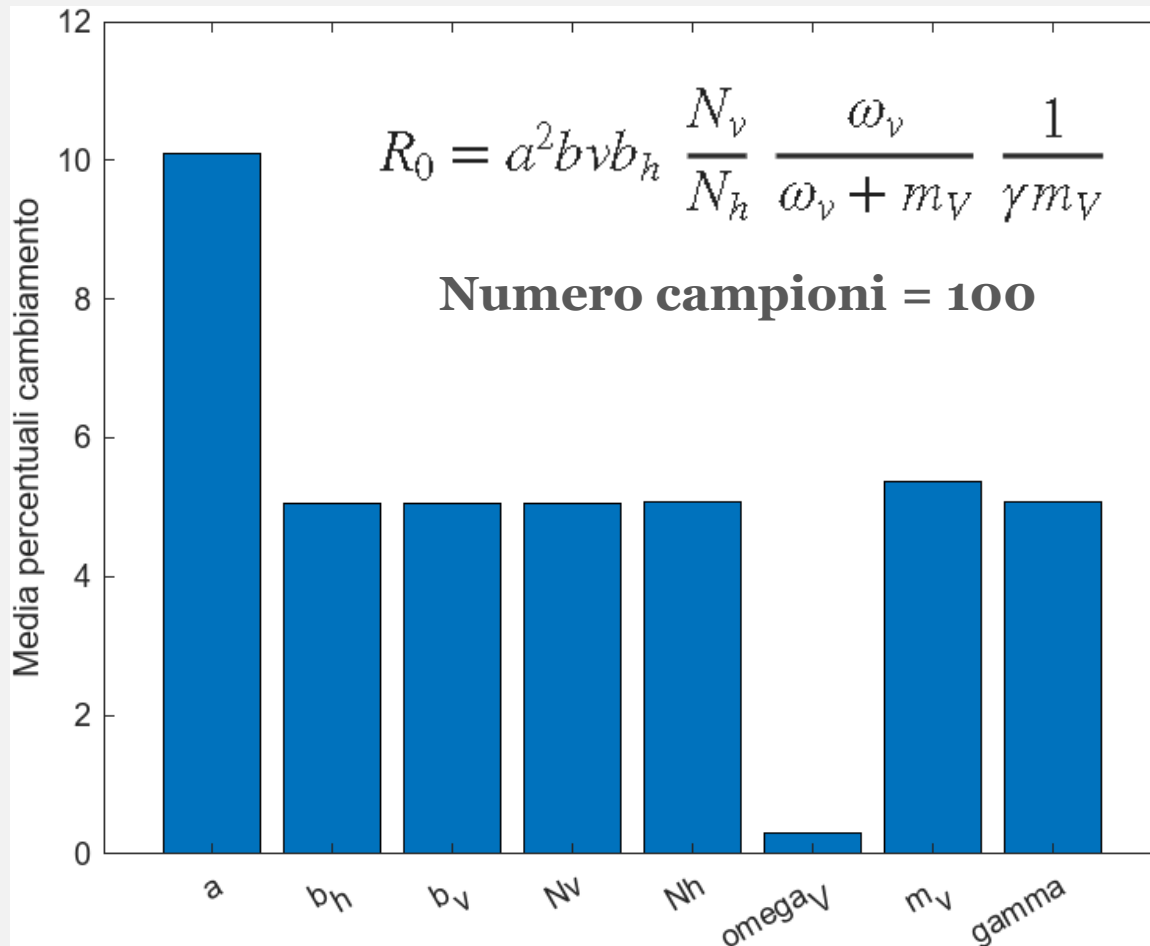
    end
    % Calcolo della media delle percentuali di cambiamento per il parametro corrente
    media_percentuali_cambiamento(i) = sum(percentuali_cambiamento(:,i)) / N;
end
X=categorical({'a','b_h','b_v','Nv','Nh','omega_V','m_v','gamma'});
X=reordercats(X,{'a','b_h','b_v','Nv','Nh','omega_V','m_v','gamma'});

X=categorical({'a','b_h','b_v','Nv','Nh','omega_V','m_v','gamma'});
X=reordercats(X,{'a','b_h','b_v','Nv','Nh','omega_V','m_v','gamma'});
bar(X,media_percentuali_cambiamento);
ylabel('Media percentuali cambiamento');
```

Per ogni parametro andiamo a variare entro la percentuale assegnata, calcoliamo il nuovo valore dell'indice e lo confrontiamo. Iteriamo per il numero di campioni, mediando alla fine le singole variazioni trovate per ogni parametro

Modello Matlab

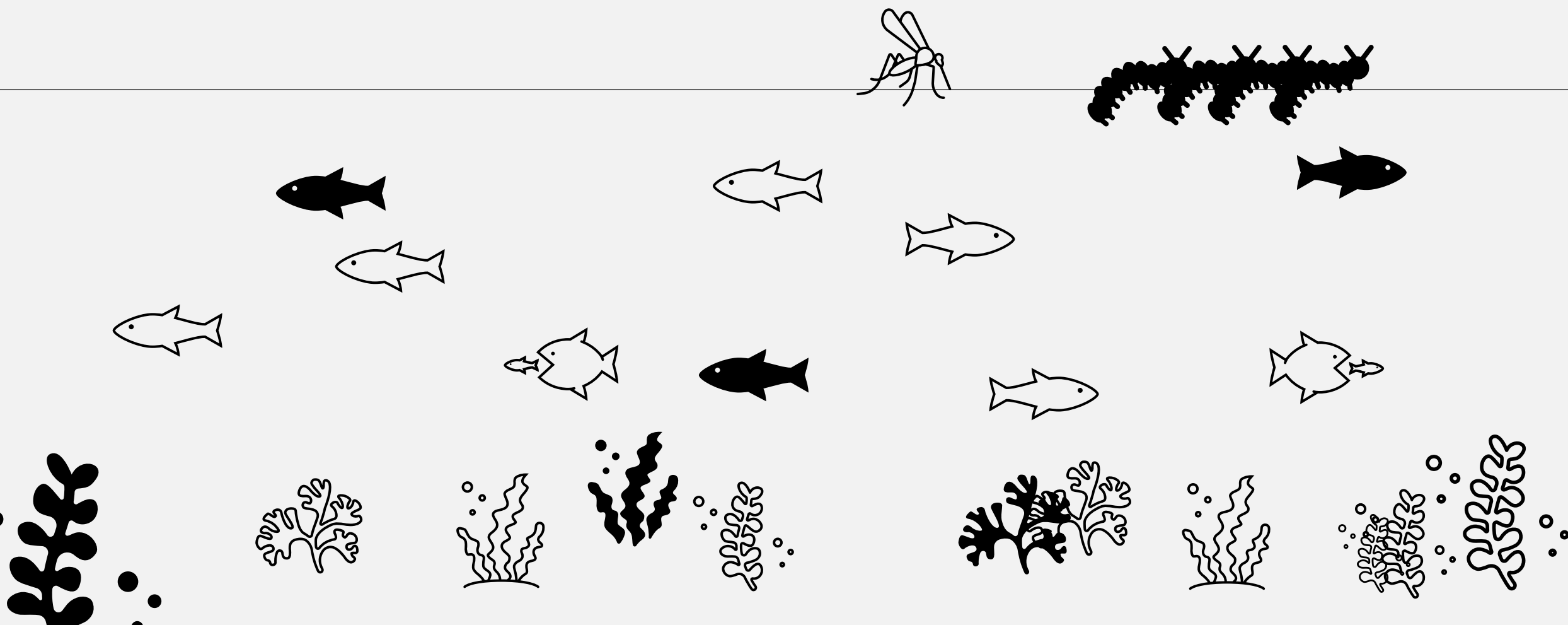
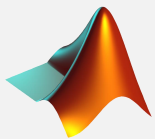
Analisi Sensibilità



L'analisi qualitativa di sensibilità introdotta riesce a cogliere il trend anche con un numero di campioni ridotto

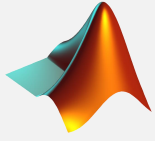
Modello Matlab

Controllo Biologico



Modello Matlab

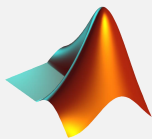
Controllo Biologico



Modello Preda - Predatore

Modello Matlab

Controllo Biologico



Modello Preda - Predatore

Equazioni di Lotka-Volterra

Il modello utilizzato per studiare il comportamento della diffusione dello stadio P è stato analizzato durante la lezione, prendendo in considerazione un'applicazione relativa alla malaria.

Preda – larve di zanzara

Predatore – Pesci larvivori

Consideriamo due regioni nel nostro modello:

➡ Regione 1: In cui i pesci larvivori vivono naturalmente.

➡ Regione 2: Regione che desideriamo controllare utilizzando i pesci.

Modello Matlab

Controllo Biologico

Modello Preda - Predatore

EQUAZIONI DI LOTKA-VOLTERRA



Alfred J. Lotka

Vito Volterra

Le equazioni di Lotka-Volterra, anche conosciute come equazioni predator-prey o equazioni di interazione tra prede e predatori, sono un sistema di equazioni differenziali utilizzate per descrivere le dinamiche delle popolazioni in un ecosistema.

Le equazioni prendono il nome dagli scienziati Alfred J. Lotka e Vito Volterra, che le hanno sviluppate indipendentemente negli anni '20.

Le equazioni descrivono il cambiamento nel tempo delle popolazioni di due specie che interagiscono:

- una specie di prede
- una specie di predatori.

Le equazioni tengono conto dei tassi di nascita e morte delle prede, nonché dei tassi di consumo delle prede da parte dei predatori.

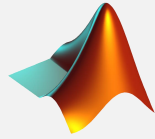
In generale, le prede tendono ad aumentare la loro popolazione se i predatori sono scarsi, mentre i predatori tendono ad aumentare la loro popolazione se le prede sono abbondanti.

Tuttavia, l'aumento della popolazione dei predatori può portare alla diminuzione delle prede, che a sua volta può portare a una diminuzione della popolazione dei predatori.

Questo crea un ciclo di crescita e declino delle due popolazioni nel tempo.

Le equazioni di Lotka-Volterra sono un modello semplificato delle interazioni tra prede e predatori in un ecosistema e offrono un'idea di come i cambiamenti nella disponibilità delle risorse e le interazioni tra le specie possano influenzare le dinamiche delle popolazioni.

Modello Matlab



Controllo Biologico

PARAMETRI USATI - PREDATORE

PREDATORE

```
r = 0.01;           % tasso di crescita
c = 0.1;            % convention efficiency
Kp = 1000;          % capacità trasporto pesce
H = 0.8;            % harvesting effort catching fish region 1
q = 0.2;            % catchability fish
alpha_1 = 0.1;      % dipendenza lineare della caccia
alpha_2 = 0.3;      % frazione di pesci che vengono trasportati dalla regione 1 a regione 2
ni = 0.1;           % densità della regione 1
m_d = 0.01;         % Mortalità per densità

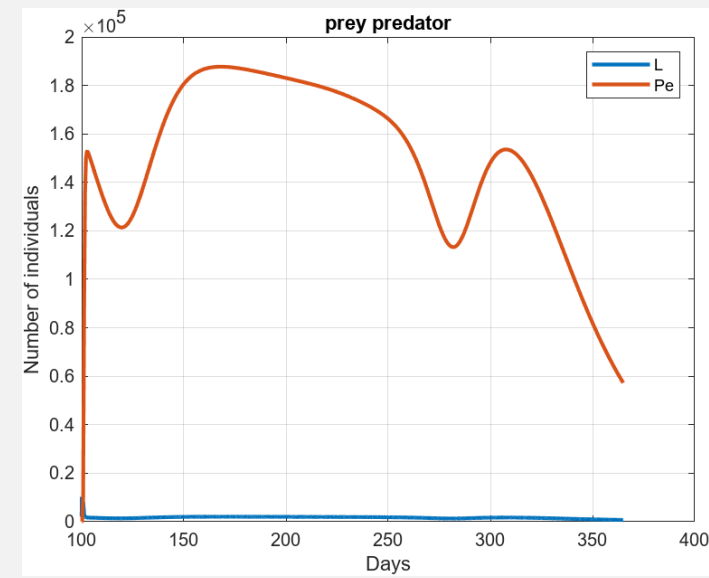
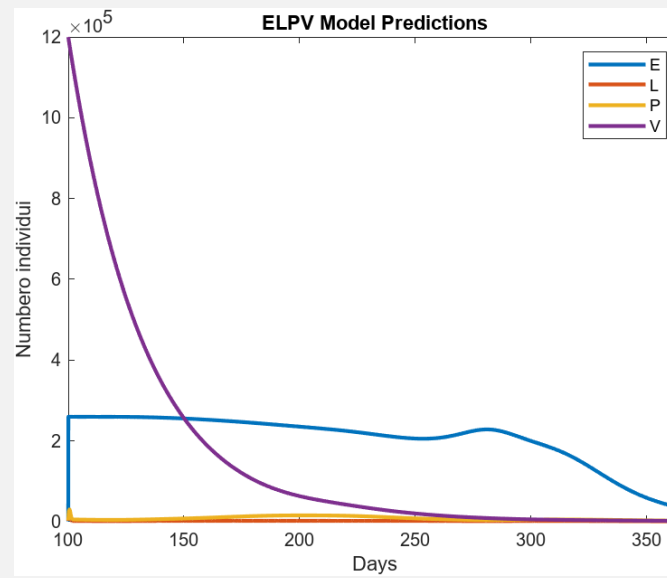
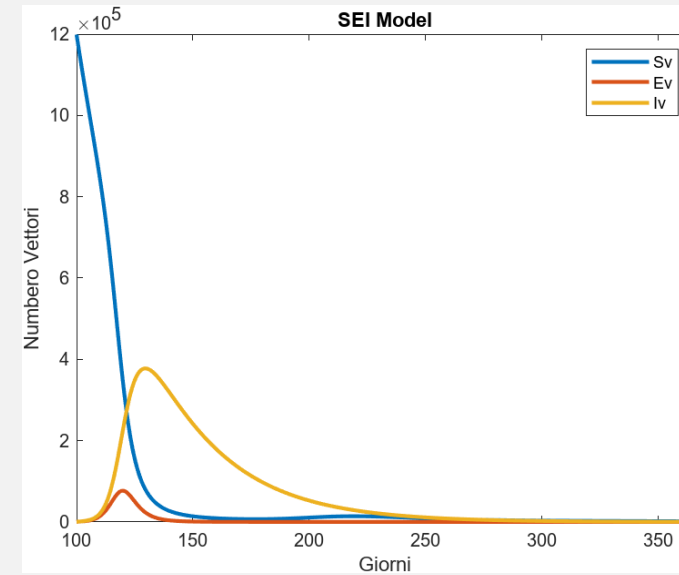
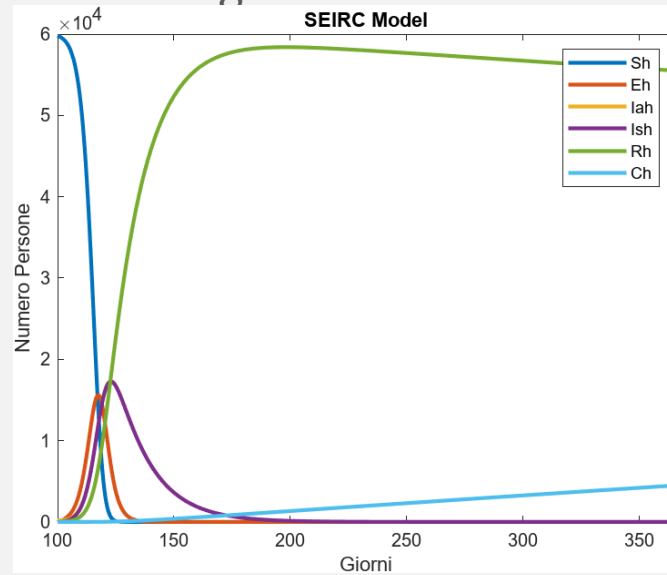
param_PRED = [r,c,Kp,H,q,alpha_1,alpha_2,ni];
```

PARAMETRI USATI - PREDA

Usiamo i valori già definiti nelle slide precedenti nella trattazione del ciclo vitale della zanzara

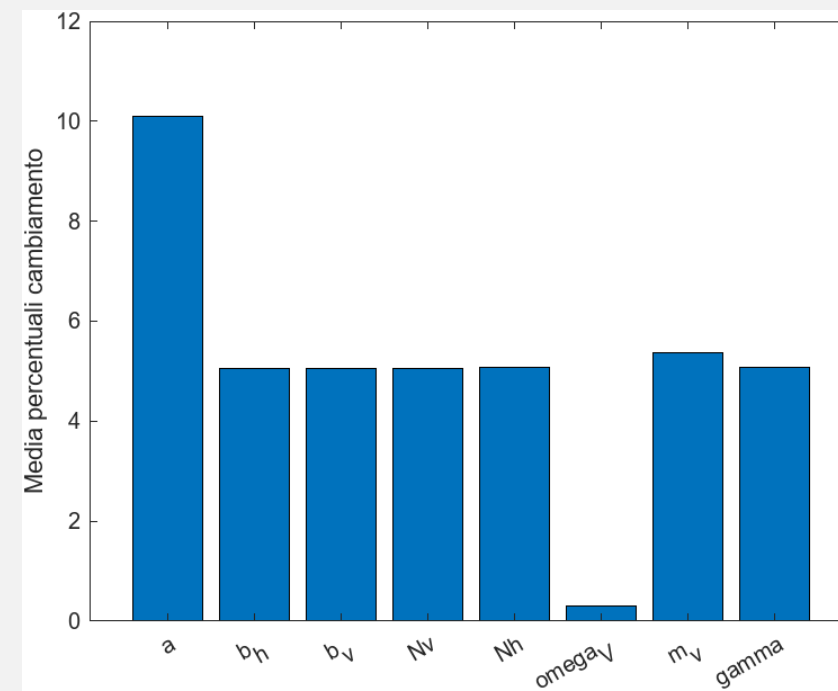
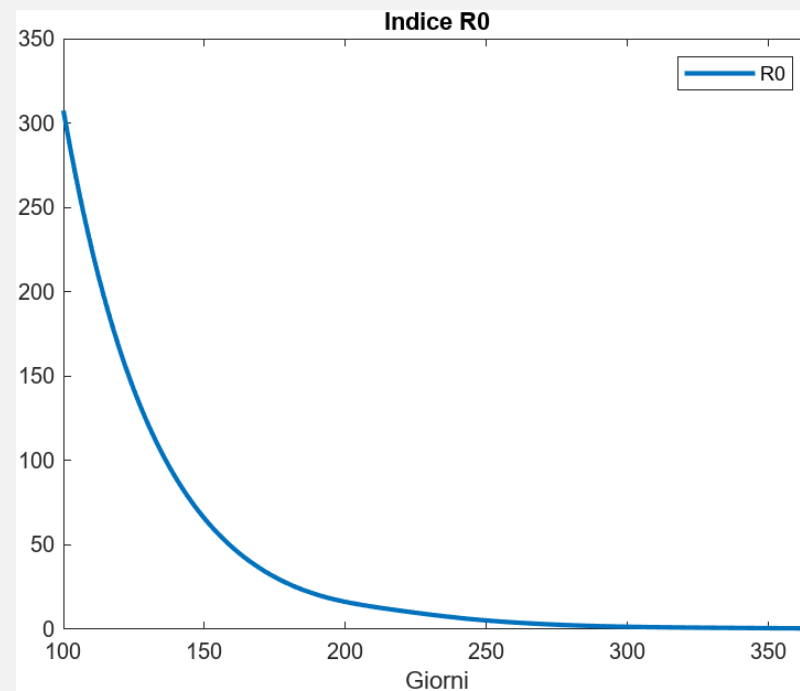
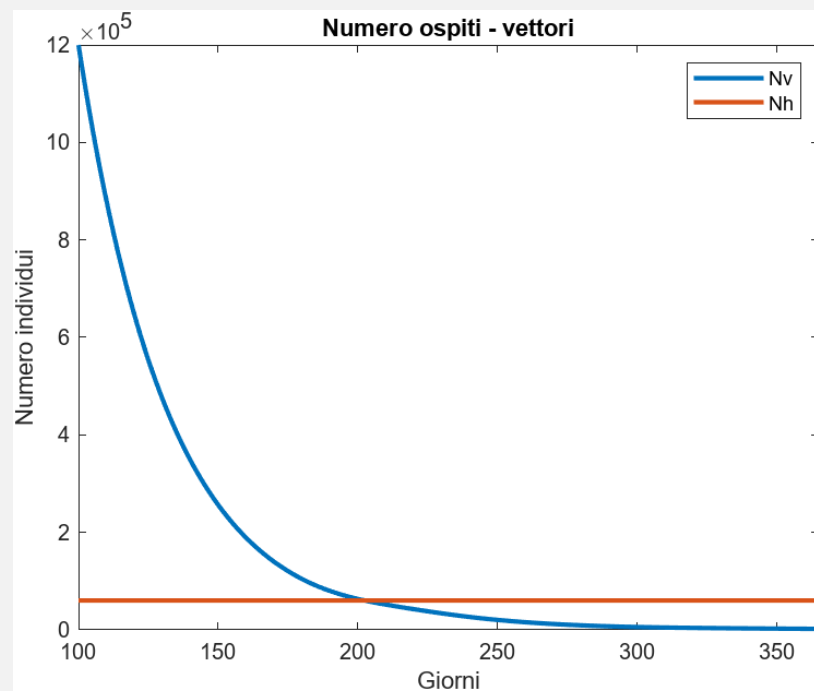
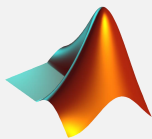
Modello Matlab

Controllo Biologico



Modello Matlab

Controllo Biologico

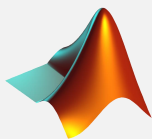


Modello Matlab

CONFRONTO

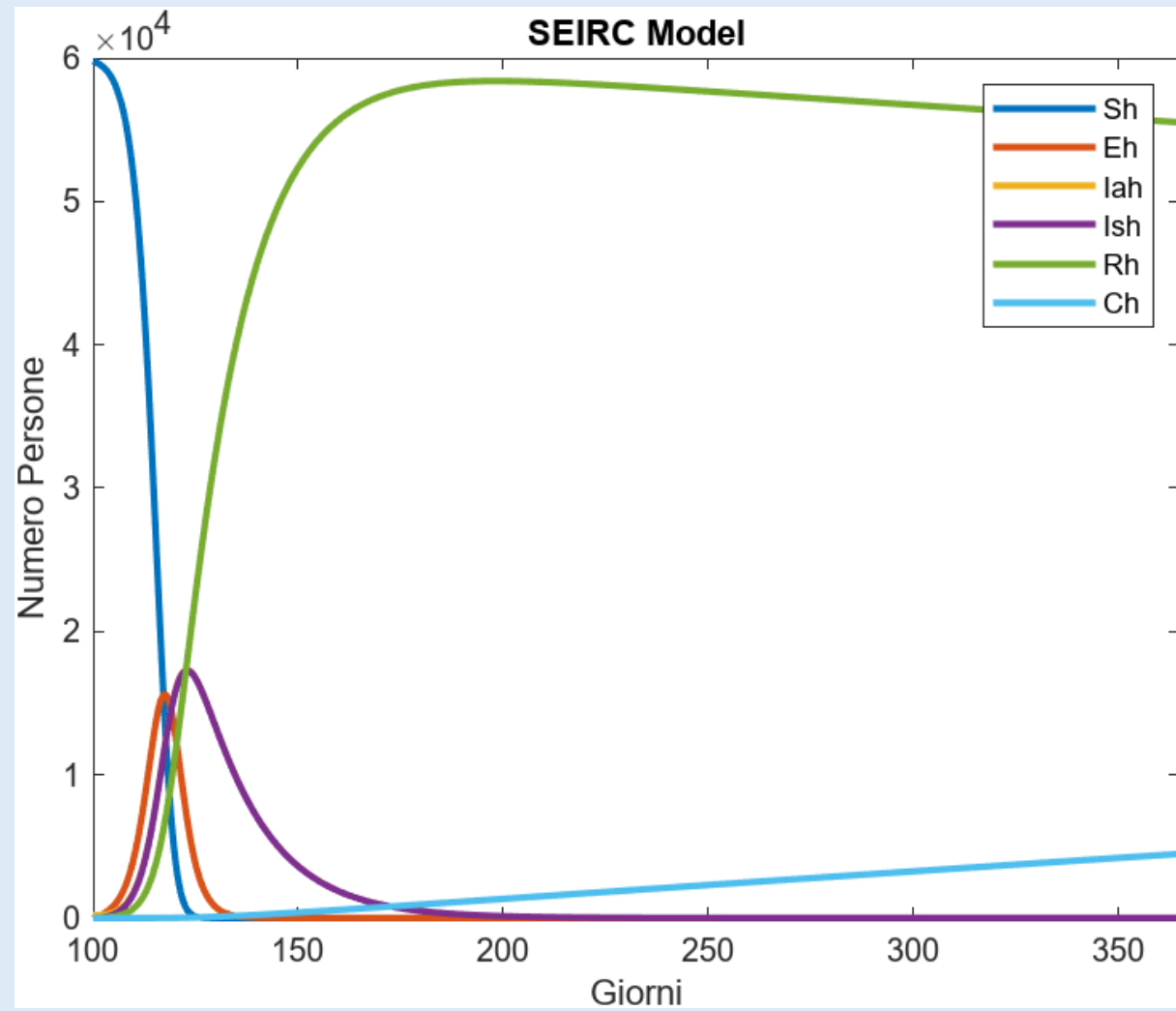
CONTROLLO – SENZA CONTROLLO

Modello Matlab

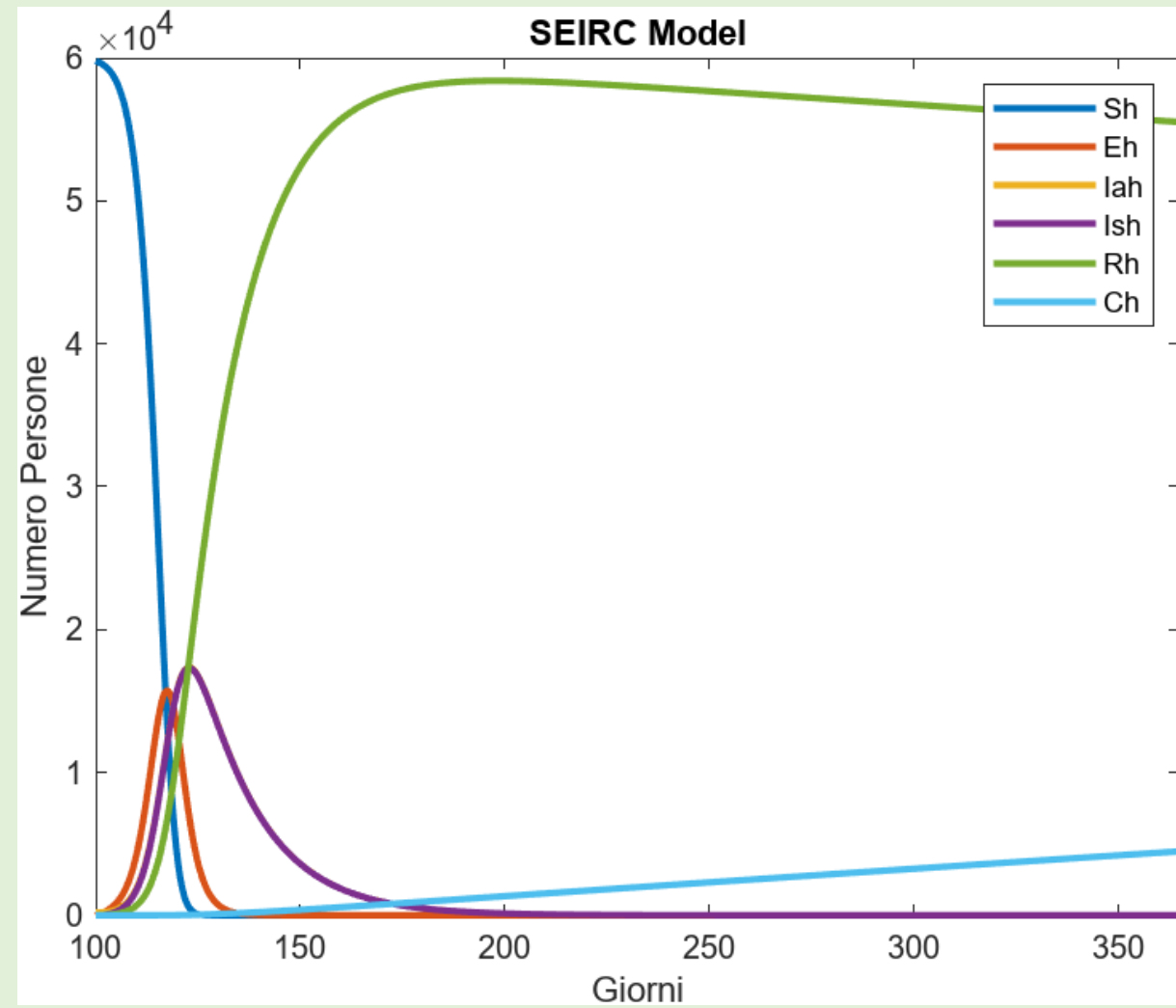


CONFRONTO

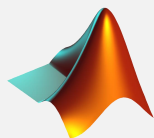
CONTROLLO



SENZA CONTROLLO

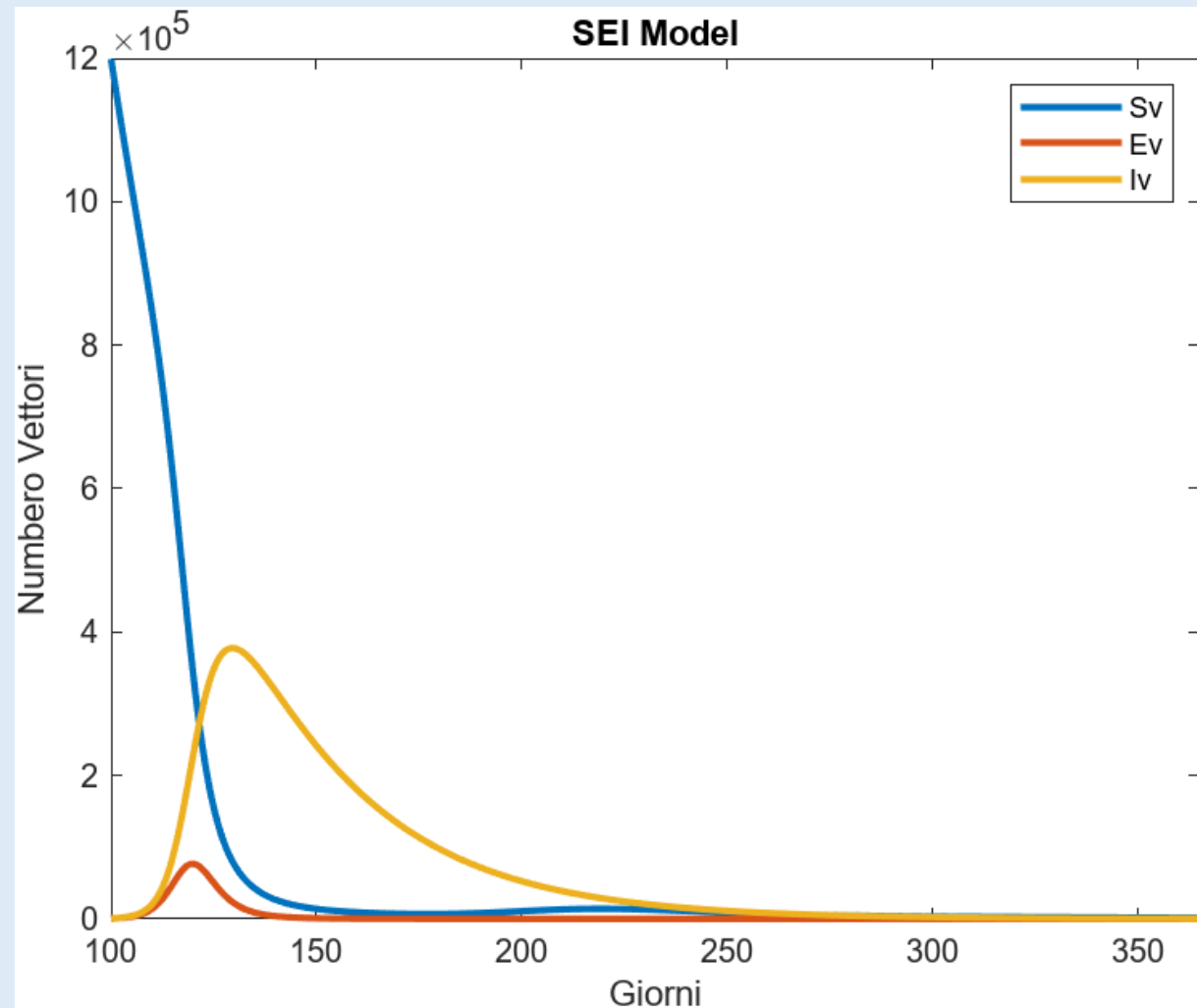


Modello Matlab

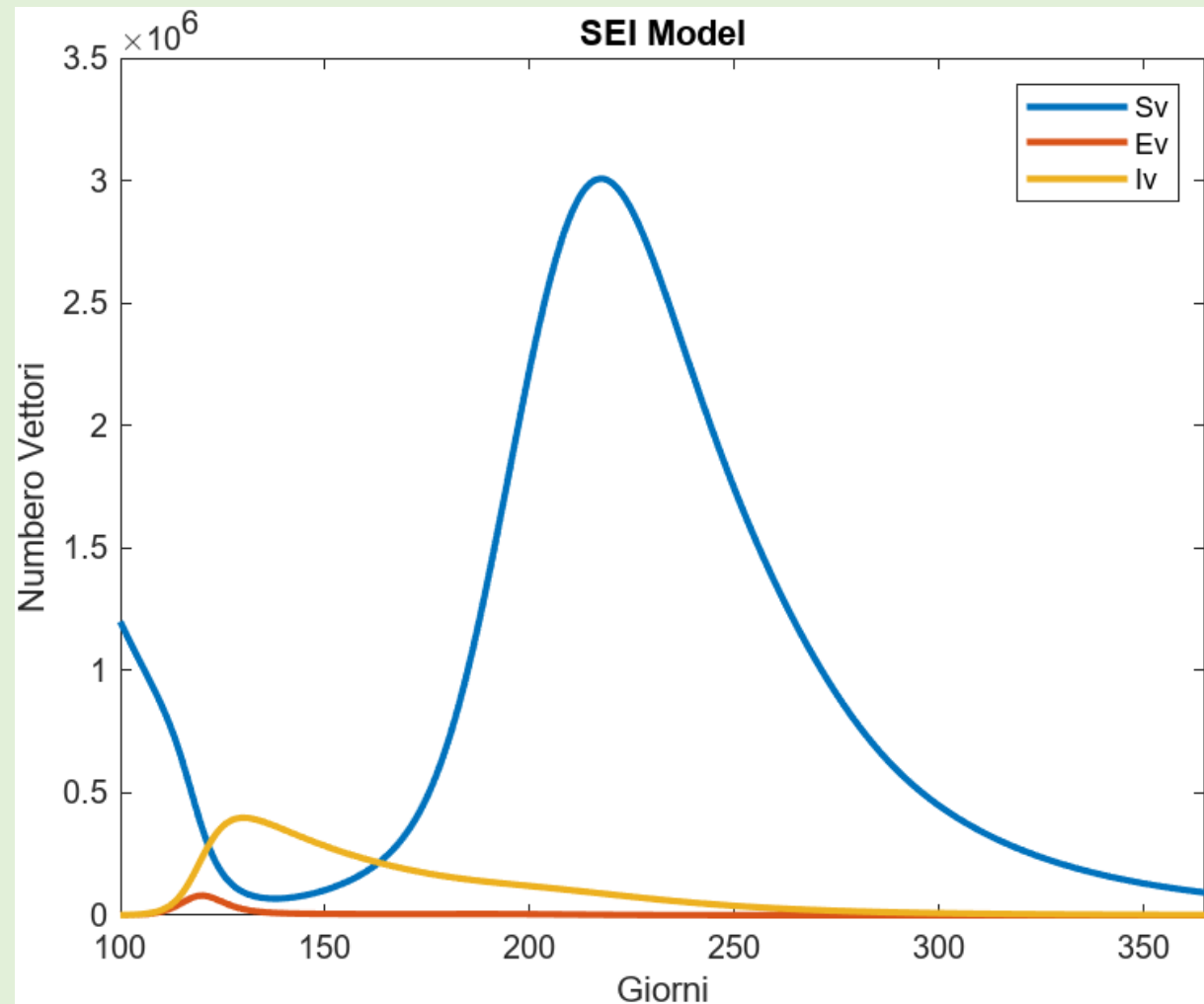


CONFRONTO

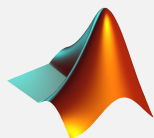
CONTROLLO



SENZA CONTROLLO

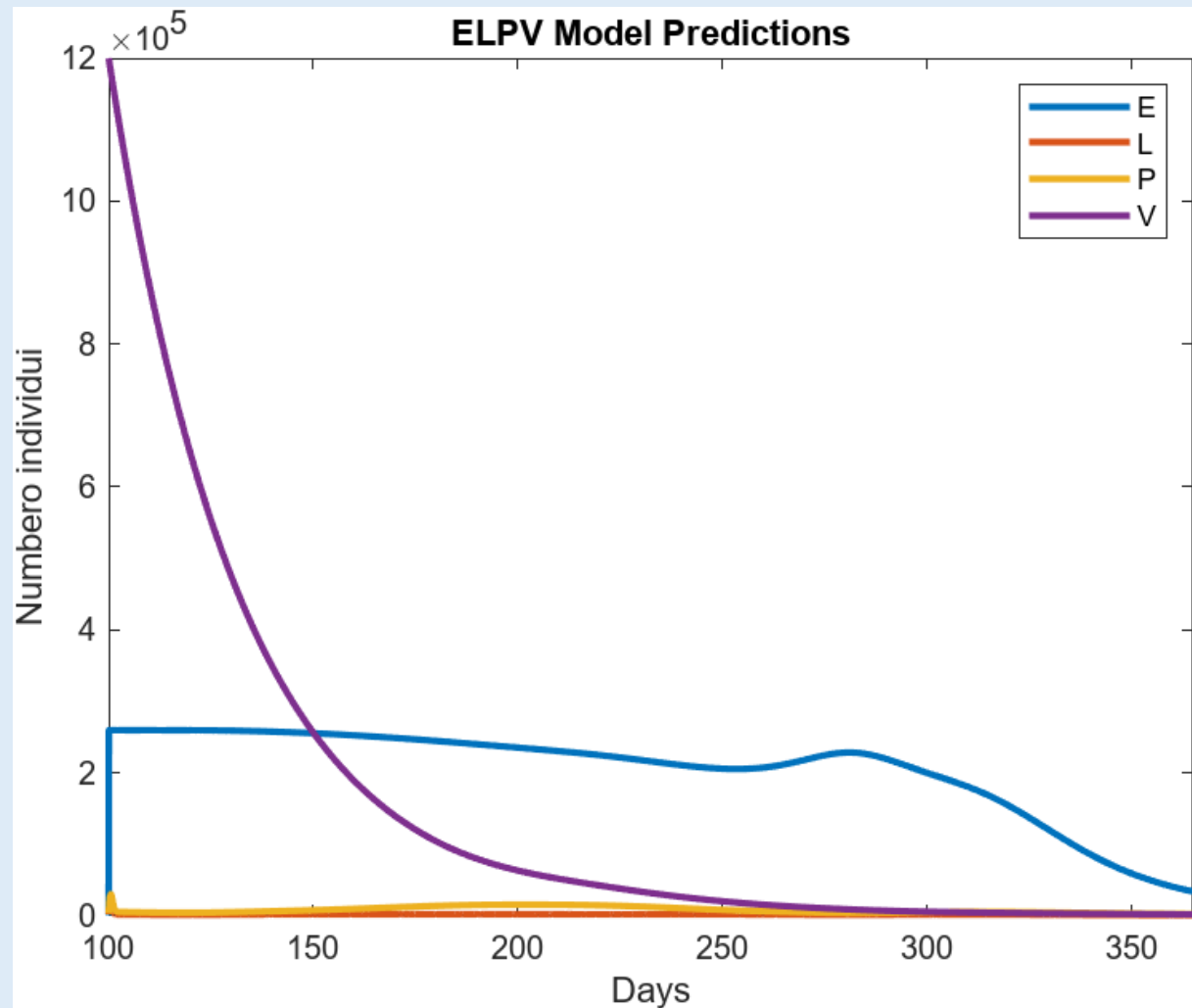


Modello Matlab

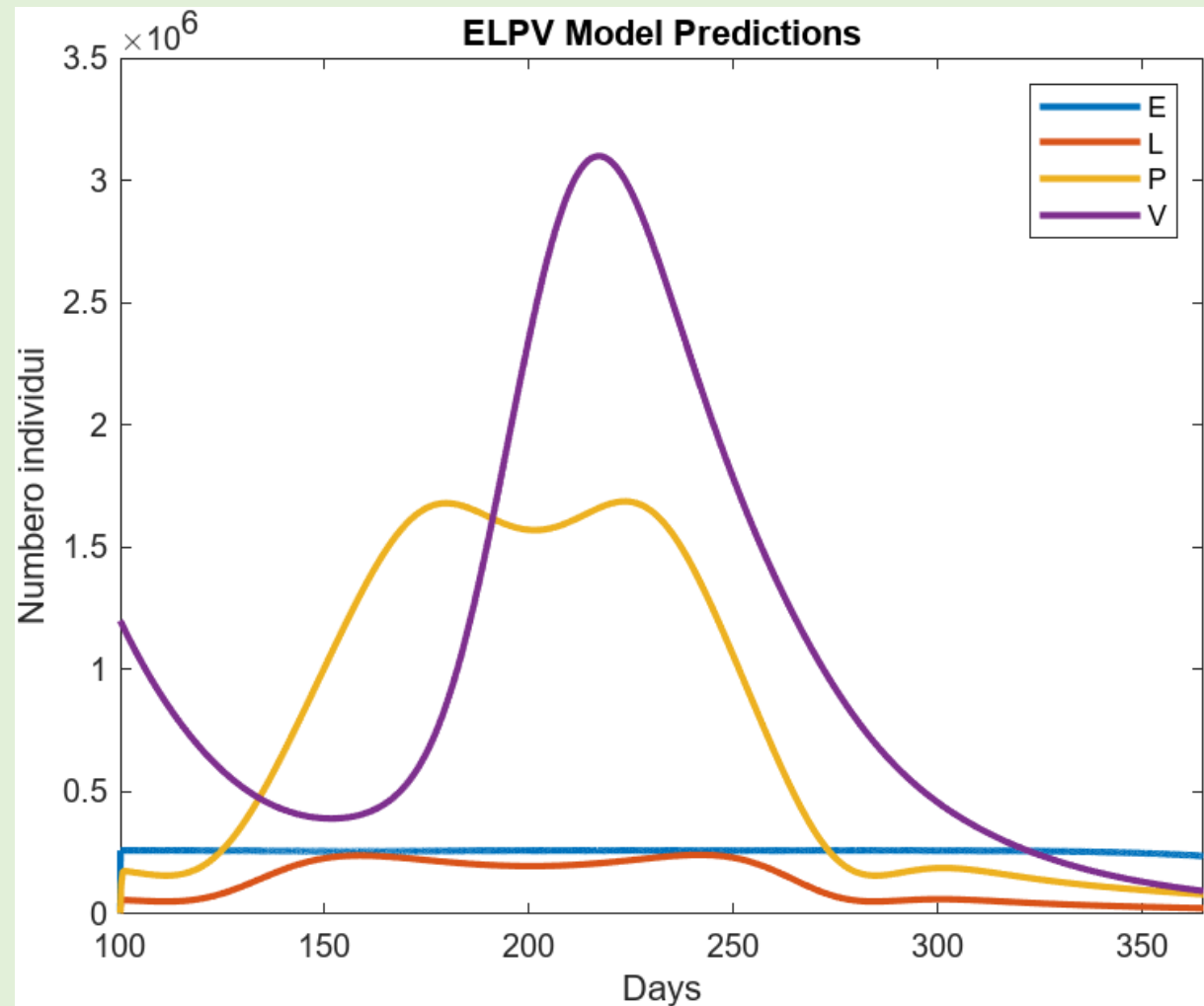


CONFRONTO

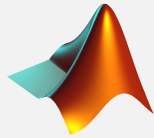
CONTROLLO



SENZA CONTROLLO

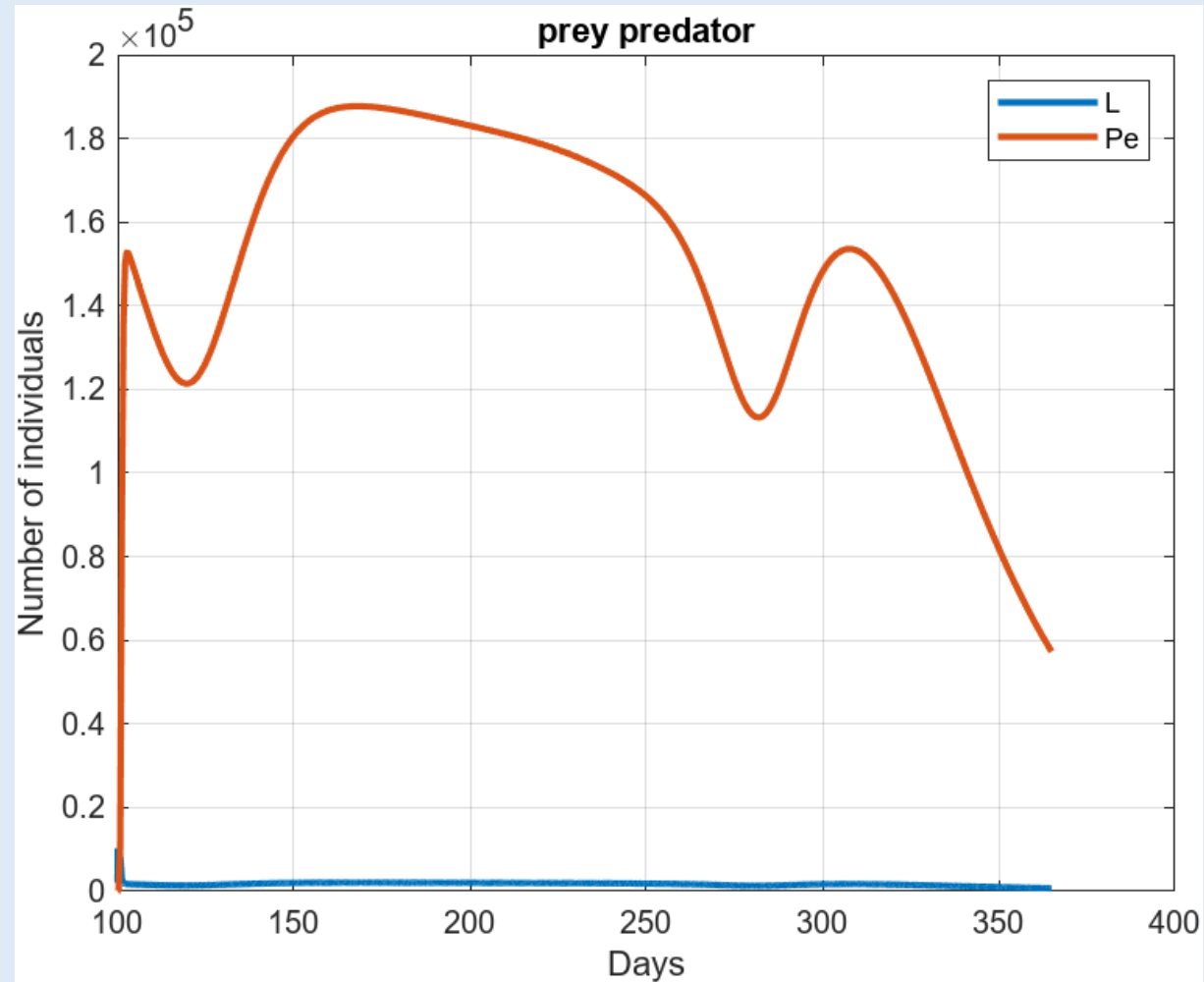


Modello Matlab

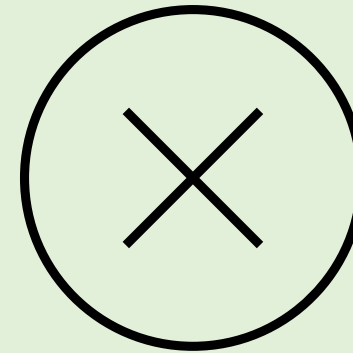


CONFRONTO

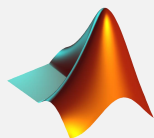
CONTROLLO



SENZA CONTROLLO

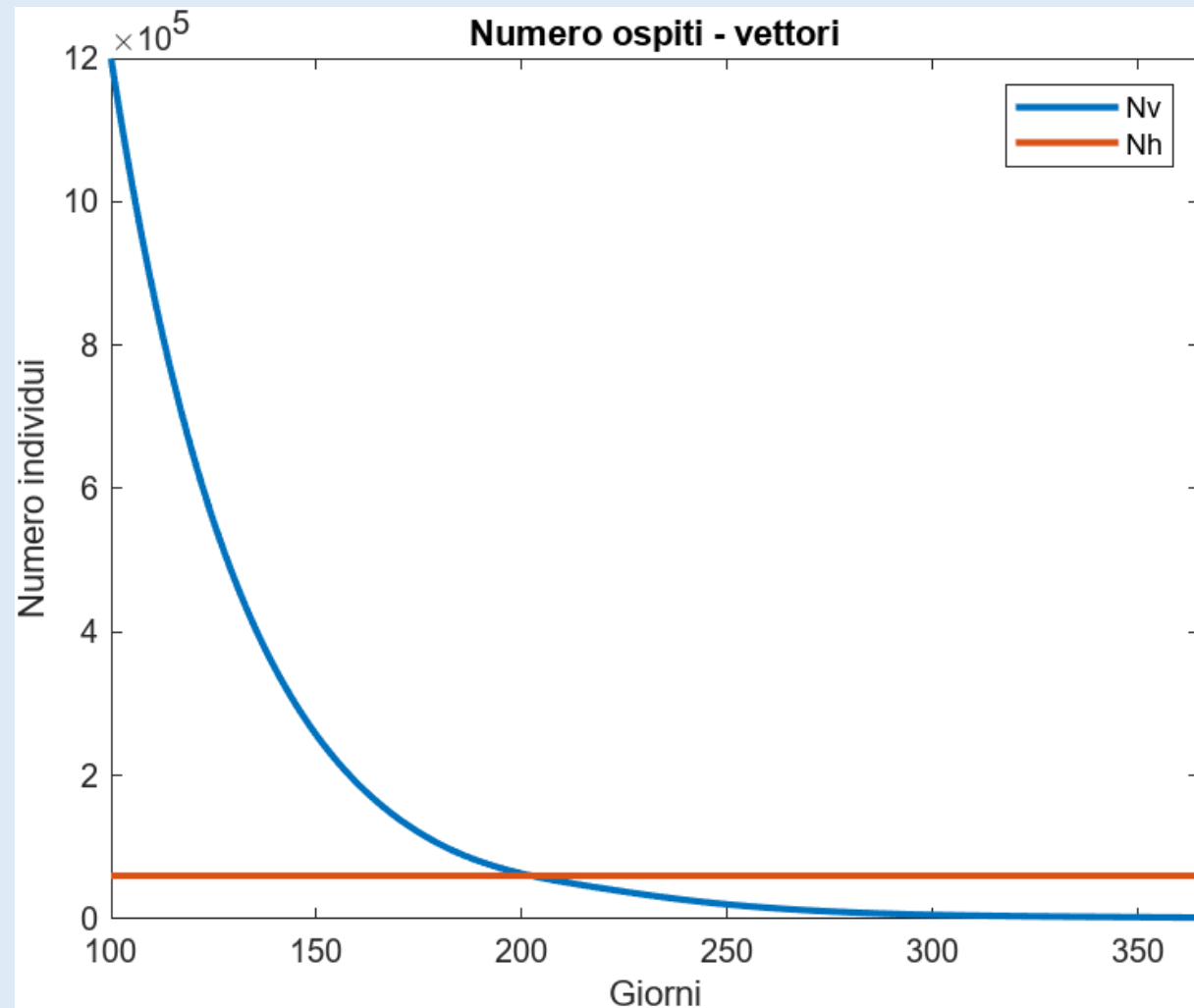


Modello Matlab

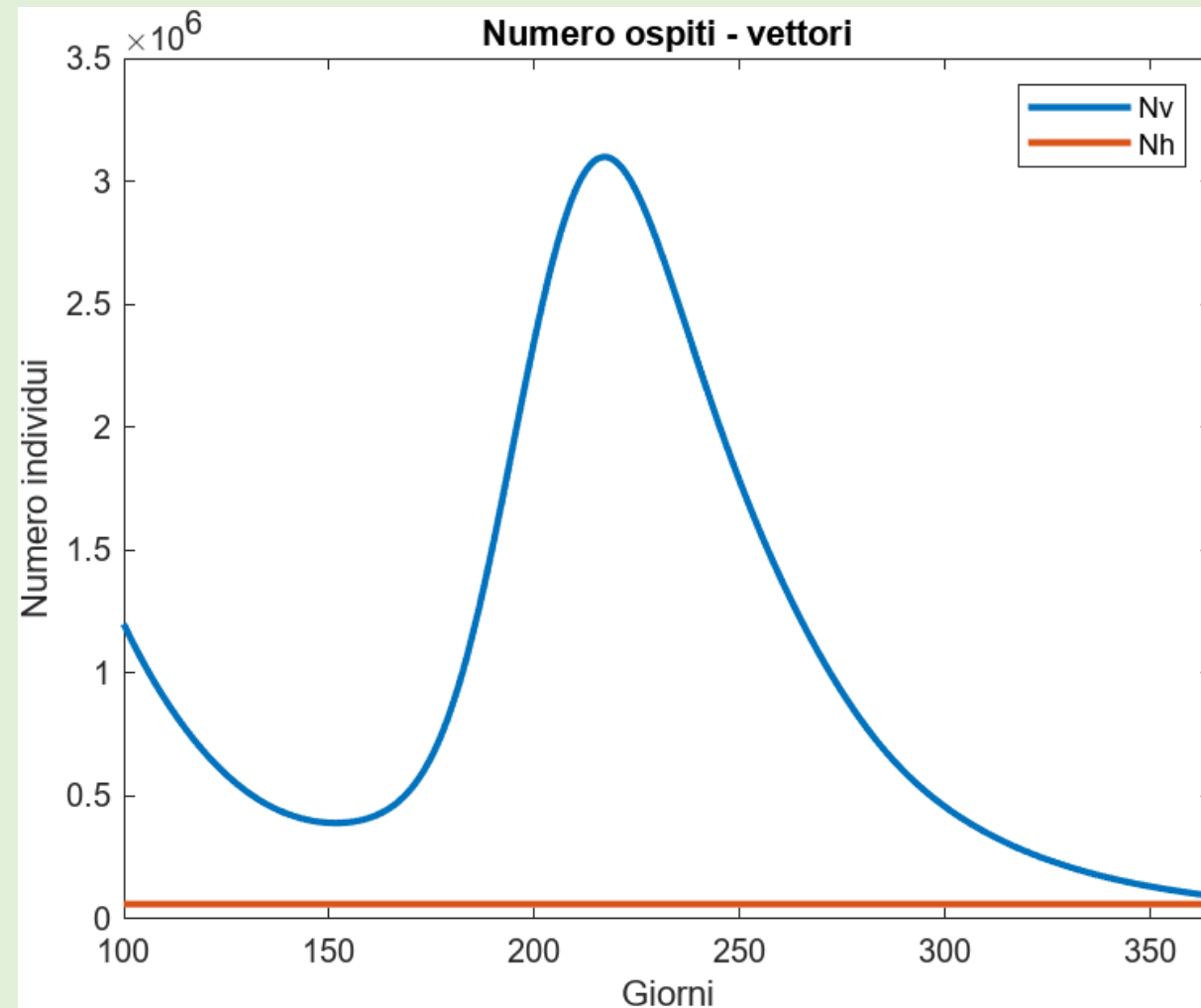


CONFRONTO

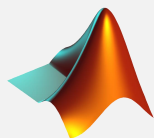
CONTROLLO



SENZA CONTROLLO

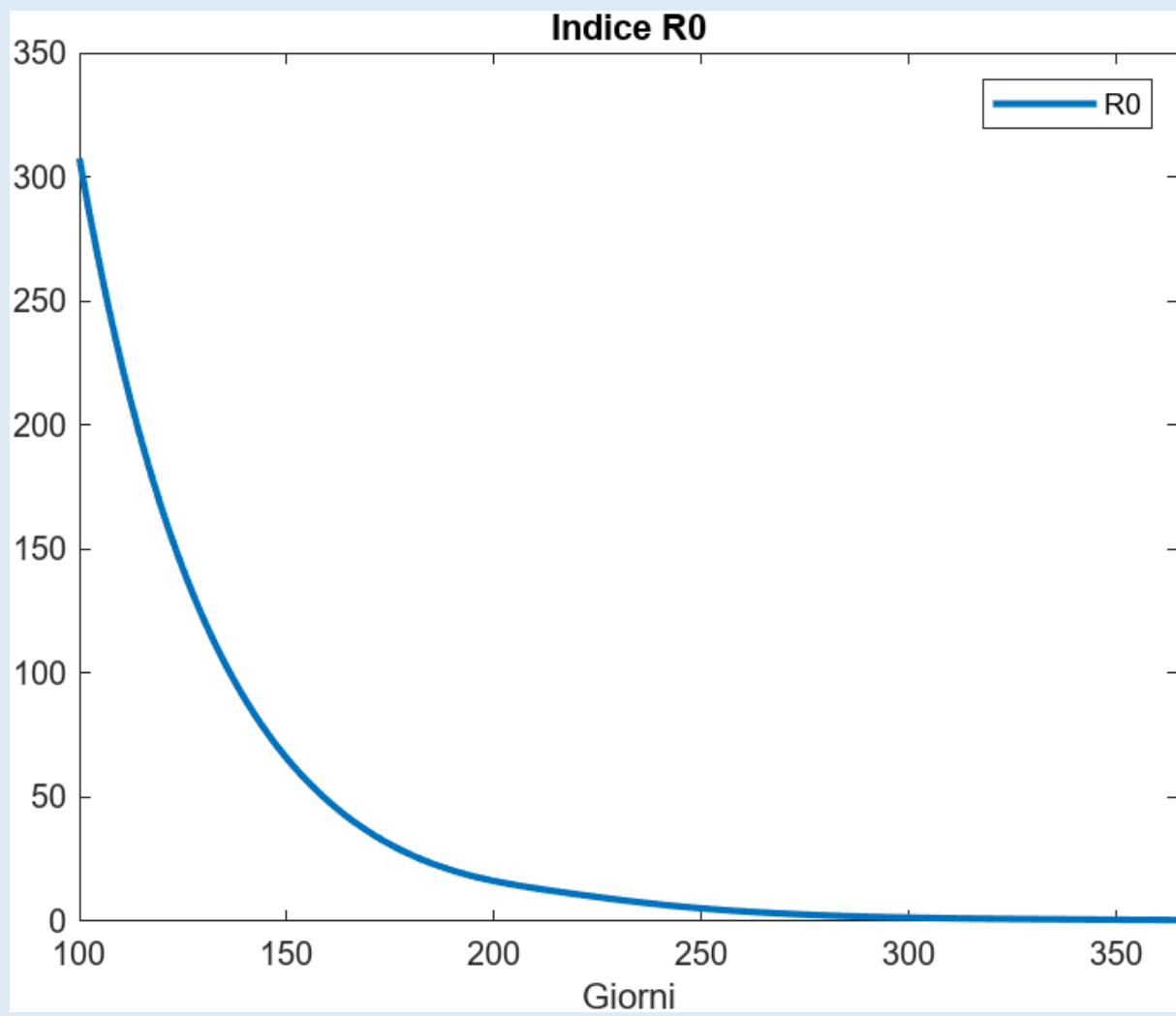


Modello Matlab

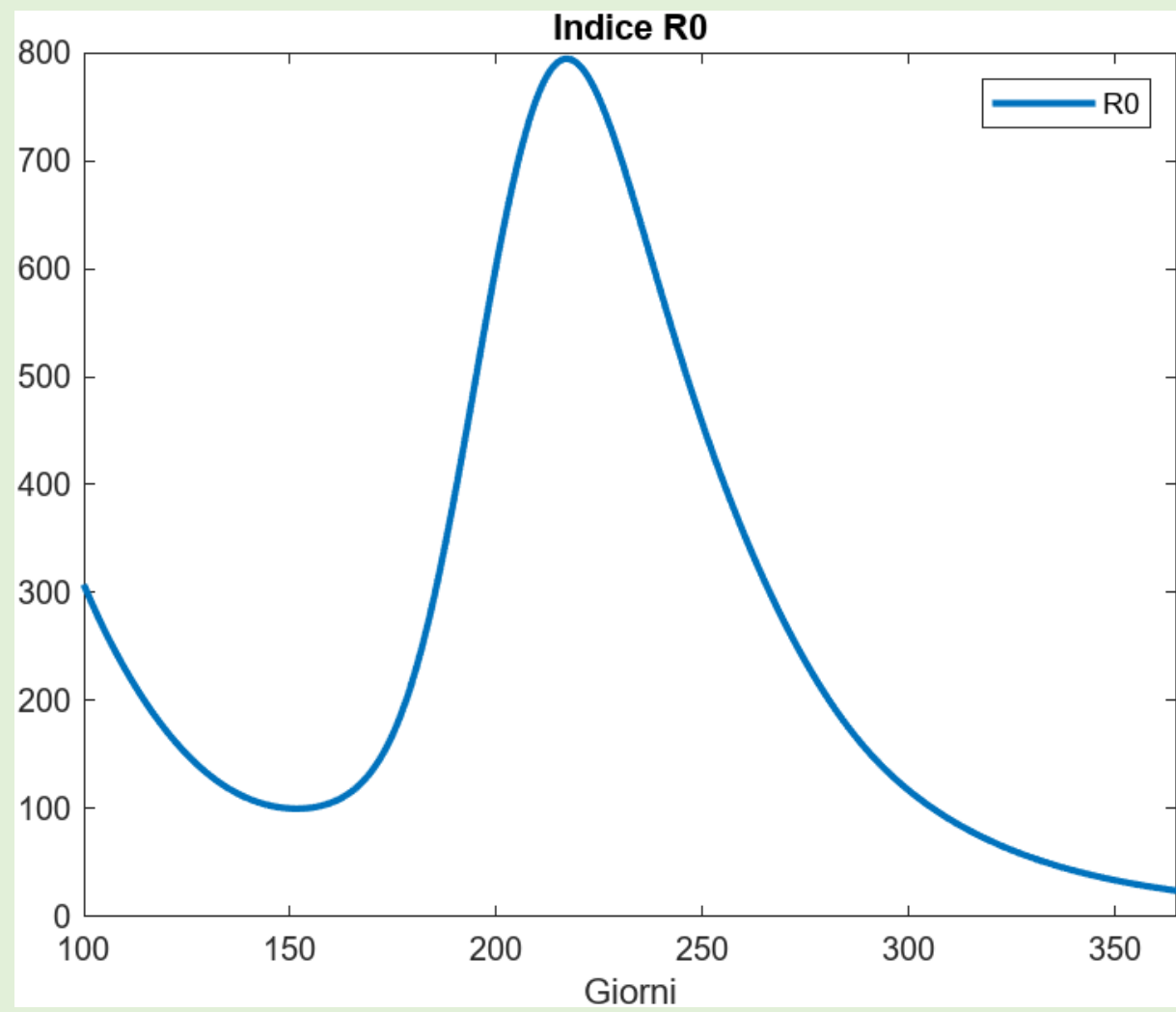


CONFRONTO

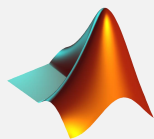
CONTROLLO



SENZA CONTROLLO

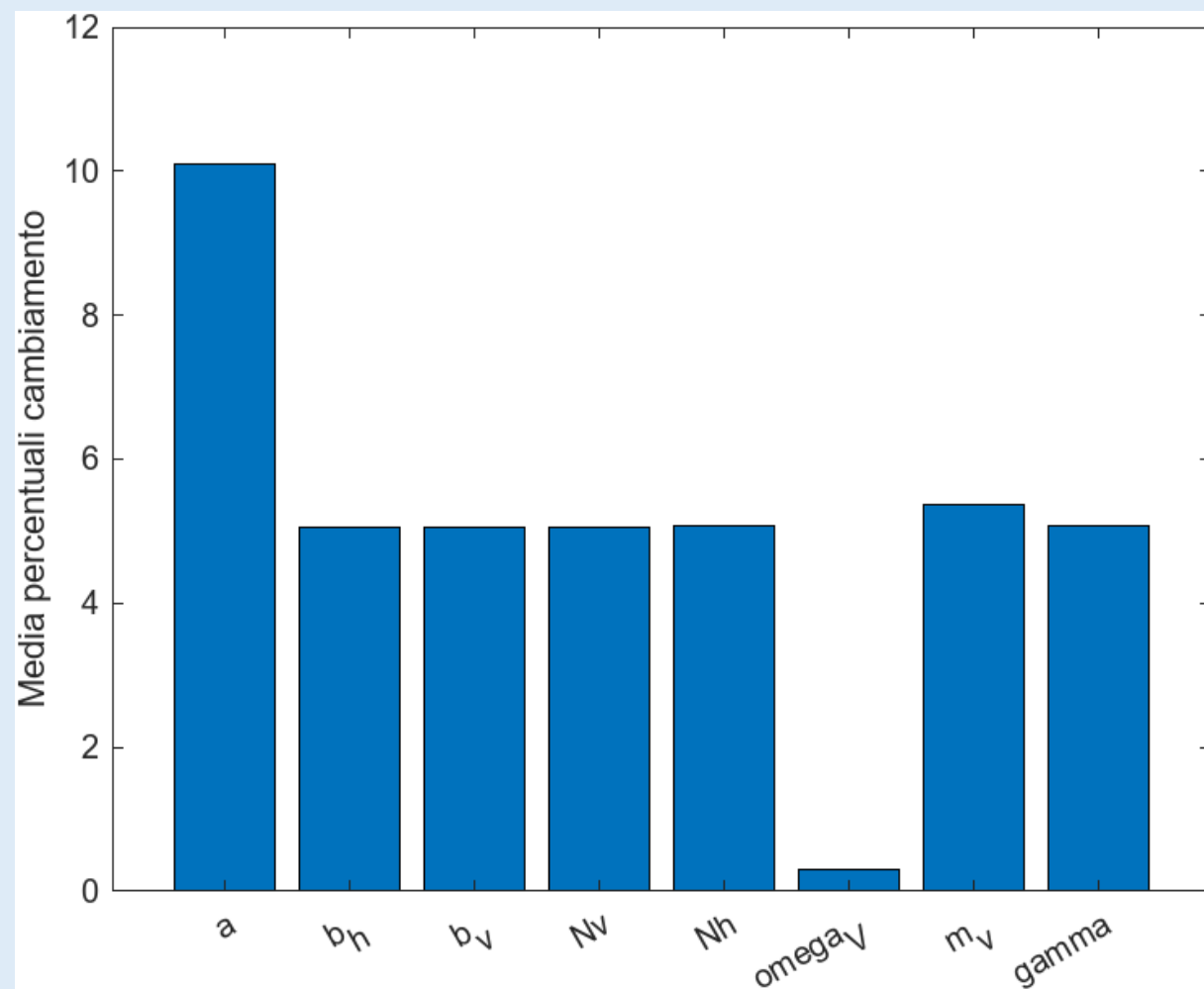


Modello Matlab

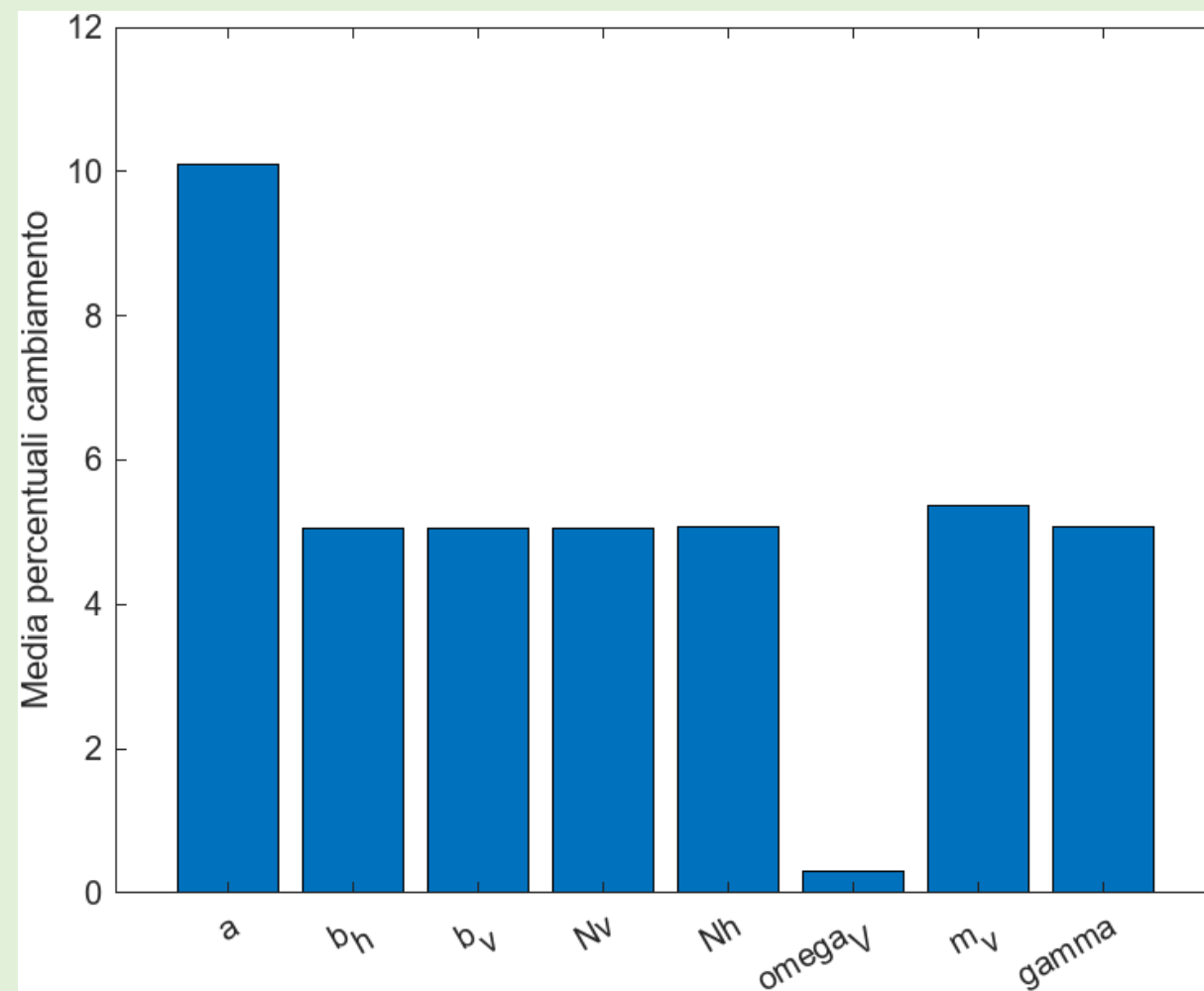


CONFRONTO

CONTROLLO

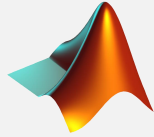


SENZA CONTROLLO



Modello Matlab

CONFRONTO



Si osserva che il controllo delle zanzare produce risultati significativi per quanto riguarda il loro ciclo di vita.

Tuttavia, la diffusione del virus avviene così rapidamente che non comporta alcun beneficio effettivo per quanto riguarda la malattia stessa.

Nonostante ciò, può essere utilizzato in via preventiva per ridurre globalmente il numero di zanzare, le quali sembrano svolgere un ruolo chiave, se non addirittura fondamentale, rispetto ad altri parametri in termini di diffusione.

l'ordine di grandezza risulta essere così elevato che l'indice di riproduzione R_0 sembra seguire l'andamento del numero totale di vettori.

Conclusioni Modello

Ragionando anche sulle condizioni iniziali usate, ovvero:

zanzare infette = 800

zanzare totali = 1200000

percentuale di zanzare infette = 0.066%

persone infette asintomatiche = 200

persone totali = 60000

percentuale persone infette = 0.33%

La dinamica di infezione risulta essere estremamente veloce, parlando infatti di settimane se non giorni per contagiare tutte le persone suscettibili.

Si può fare una considerazione tuttavia, l'andamento della diffusione sebbene dipenda con la stessa sensibilità anche da altri parametri, il numero di zanzare dato i diversi ordini di grandezza risulta essere l'elemento fondamentale che condiziona l'intera diffusione.

Sebbene il rapporto zanzare su uomo di **20** fornito da letteratura sia rispettato, ad un numero tale di zanzare corrisponderà anche dei parametri di morte relativi alla densità oltre alla morte naturale.

Riducendosi, il tempo necessario si allungherà di conseguenza.

Tuttavia allo stesso modo, avere solamente lo 0.066% di zanzare infette ad inizio contagio è anch'esso un caso che nella realtà si verifica raramente



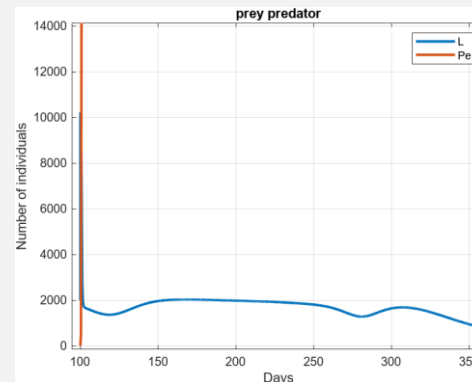
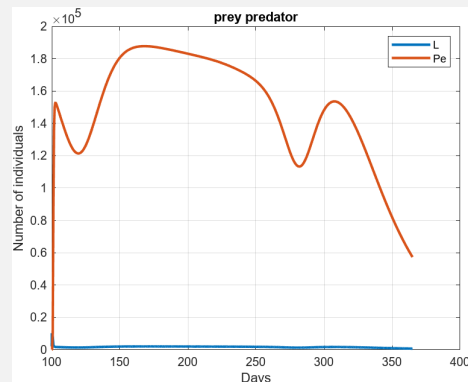
Conclusioni Modello

Un controllo sulle zanzare risulta essere inefficace data la velocità di trasmissione.

Il controllo biologico, sebbene sia considerevolmente veloce per contrastare la riproduzione di nuovi vettori suscettibili. Risulta essere più lento rispetto alla dinamica delle zanzare, lasciando inalterato di fatti l'evoluzione della diffusione.

Il grafico delle equazioni di Lotka-Volterra notiamo un principio di andamento sinusoidale, tuttavia non riesce ad arrivare in oscillazione attorno alle condizioni di equilibrio poiché nel periodo valutato subentra il periodo invernale.

Cambiando temperatura in condizioni meno favorevoli, l'attività vitale delle zanzare subisce un forte arresto. È possibile notare da qui come la dinamica dei predatori non riesce a seguire quella delle zanzare, avendo dunque ritardo.



L'unica attività che può risultare valida risulta essere un controllo **preventivo** mirato a ridurre il numero globale di zanzare che un controllo **durante** l'epidemia mirato a ridurre il contagio

Criticità Modello

La diffusione del virus avviene a una velocità estremamente rapida, tanto che in pochi mesi non rimane una persona suscettibile. Tuttavia, va precisato che questo è solo un'approssimazione del modello e non tiene conto di importanti fattori come le misure preventive.

Un'altra criticità del modello riguarda la trasmissione del virus dagli ospiti ai vettori. Nel contesto dell'articolo che analizza la diffusione in Italia, sarebbe opportuno apportare modifiche al modello per differenziare il trattamento delle due categorie di infetti: sintomatici e asintomatici.

Infatti, oltre ad avere un tempo di incubazione e ricovero relativamente breve, la malattia richiede principalmente un trattamento sintomatico. Di conseguenza, i pazienti infetti in cura hanno una probabilità significativamente minore di contagiare zanzare suscettibili grazie all'ambiente controllato in cui si trovano.

Un secondo aspetto per migliorare il modello consiste nell'introdurre parametri legati al ciclo di vita dei vettori che non dipendano solo dalla temperatura, ma anche dalla densità della popolazione. È importante considerare che le uova delle zanzare possono sopravvivere in ambienti meno favorevoli entrando in uno stato di ibernazione, in attesa di temperature più adatte.