Simulazione epidemiologica

Con la teoria dei sistemi dinamici

Capasso Vincenzo N85001522
Carillo Cristian N85002034

A.A 2024-25

Modello dinamico

Studio su una popolazione di M individui, indicizzati i= 1,..., M.

- Variabile stato di salute $x_i \in X_i = S$ (suscettibili) $\cup$ I (infetti)
- Entrambi gli intervalli hanno un range di valori tra 0 e 1, il valore della x è proporzionale alla gravità dell'infezione.
- Gli intervalli risultano $S = S_0 \cup S_1$ e $I = I_0 \cup R \cup F$, i sotto intervalli risultano:

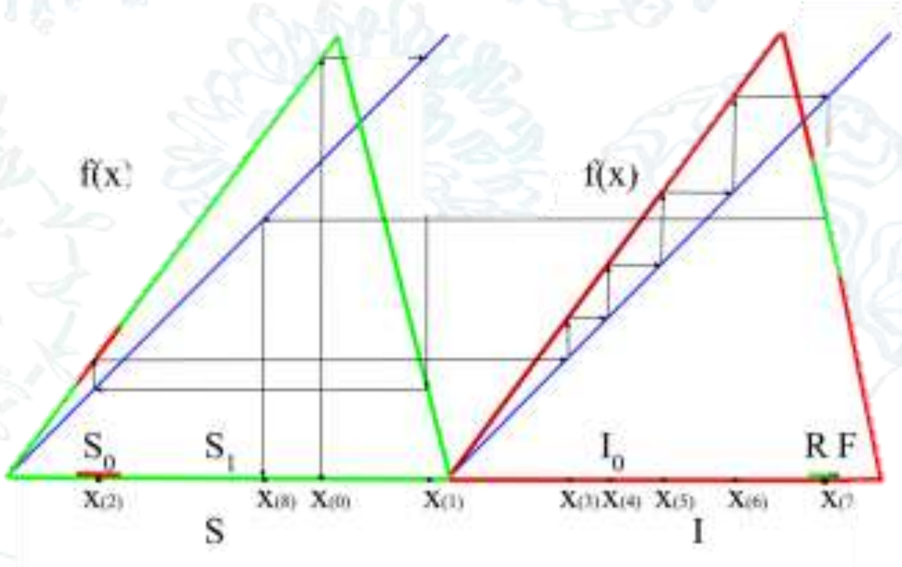
  > S_0 Regione di transizione da suscettibili a infetti

  > S_1 Regione di suscettibilità

  > I_0 Regione di infezione

  > R Regione di recupero

  > F Regione di fatalità



Mappa e dinamica

La variabile x evolve nel tempo secondo la mappa F dallo spazio degli stati $Y=X^M=(x_1, x_2, \dots, x_M)$, le assunzioni riguardo questa mappa sono:

1. La variazione degli stati di salute varia in maniera deterministica, ma caotica.
2. Le transizioni allo stato infetto è causato da un contagio interno o esterno.
3. Dopo il contagio la malattia è leggera, aumenta la gravità col passare del tempo portando a guarigione o decesso.
4. Dopo la guarigione l'individuo torna suscettibile all'infezione.
5. Dopo il decesso l'individuo è sostituito da un nuovo individuo suscettibili.

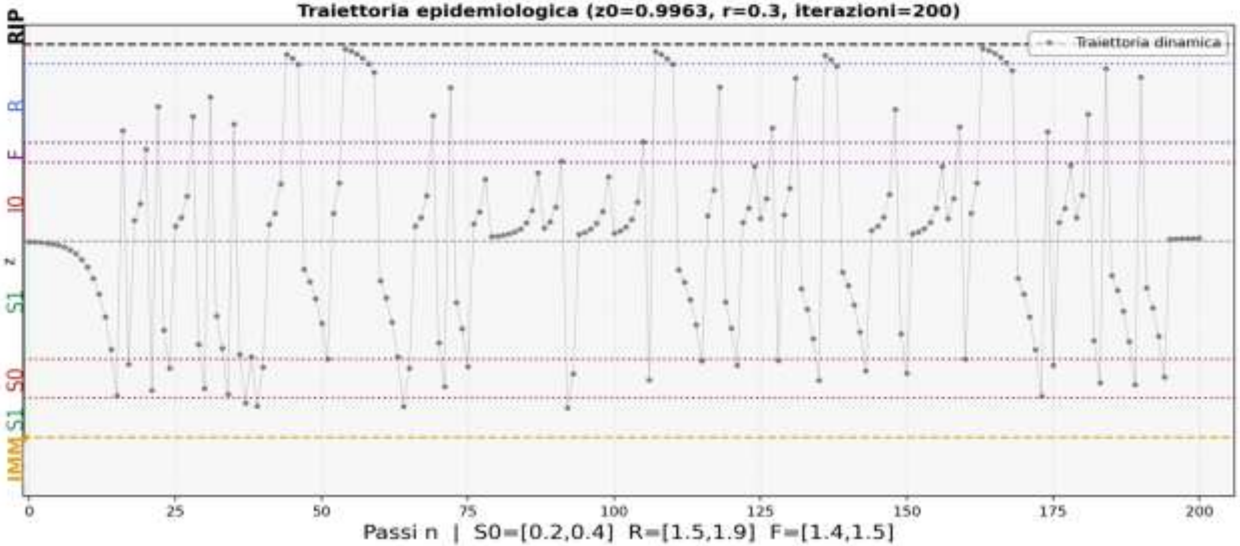
La traiettoria che descrive la dinamica si ottiene ripetendo la funzione f dalle condizioni iniziali x(0), così da ottenere lo stato al tempo n-esimo $x(n) = f^n(x(0))$, la funzione utilizzata risulta.

Evoluzione dinamica (mappa 1)

La funzione associata a tale mappa risulta:

$$f(x) = \begin{cases} \dfrac{x}{r} & 0 \le x \le r \\ \dfrac{1-x}{1-r} & r < x \le 1 \end{cases} \qquad r \in]0,1[$$

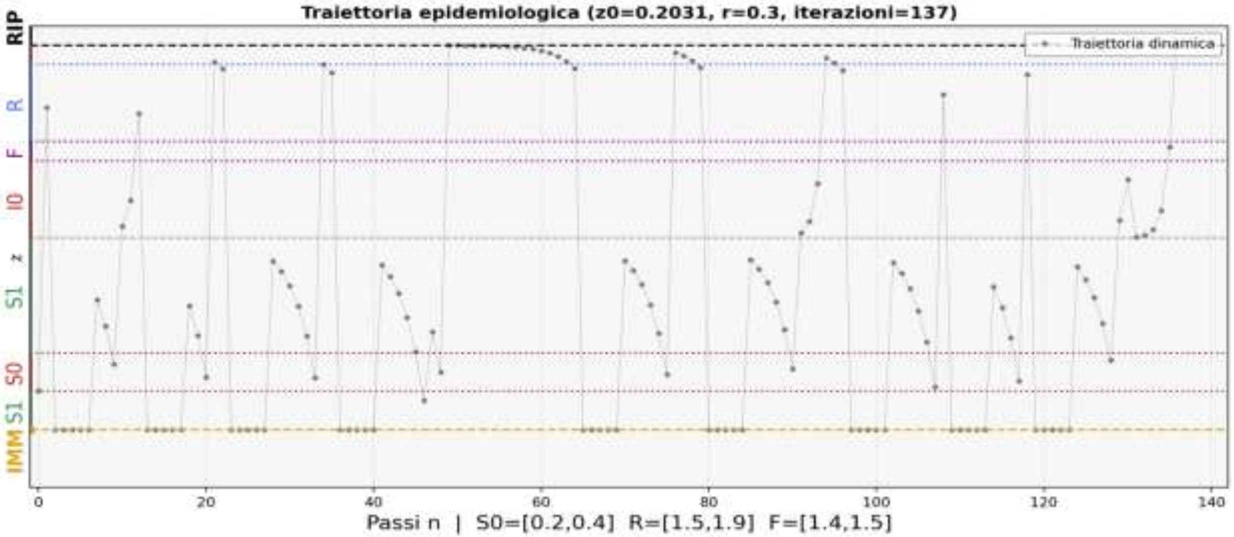
- $x \in S_1 \rightarrow f(x) \in S$
- $x \in S_0 \rightarrow f(x) \in I$
- $x \in I_0 \rightarrow f(x) \in I$
- $x \in R$ o $S \rightarrow f(x) \in S$



Evoluzione dinamica (mappa 2)

Assunzioni realistiche:

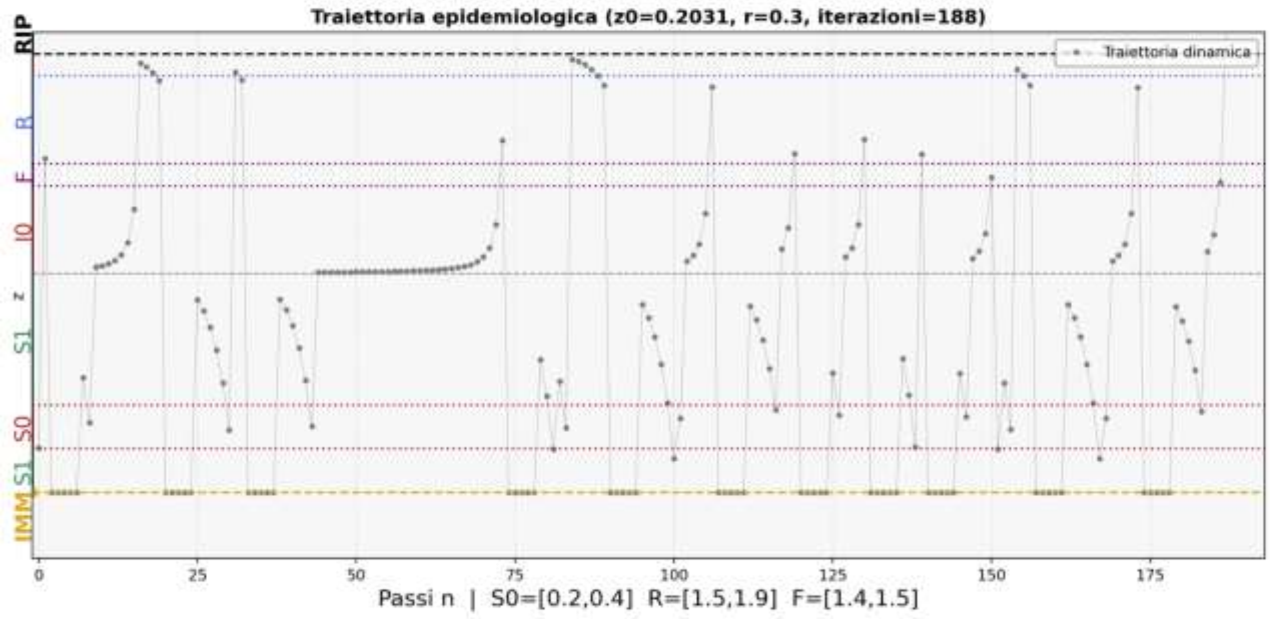
- Dopo la guarigione l'individuo è immune per un intervallo di tempo, per poi ritornare suscettibile.
- Dopo il decesso l'individuo viene sostituito col 30% di probabilità, altrimenti al 70% decede definitivamente, terminando la dinamica.



Evoluzione dinamica (mappa 3)

Associamo una mappa differente, detta Mappa di Pomeau-Manneville:

$x \in I_0$, $0 \le x \le r \rightarrow f(x) = x + C\, x^q \in I$, $q > 1$, $C = (1-r)/r^q$



Rete di contagi e matrice di adiacenza

Dopo lo studio di un singolo individuo, per descrivere come questo interagisce con una rete di contatti e di conseguenza come varia la stato di salute, definiamo una matrice di adiacenza come:

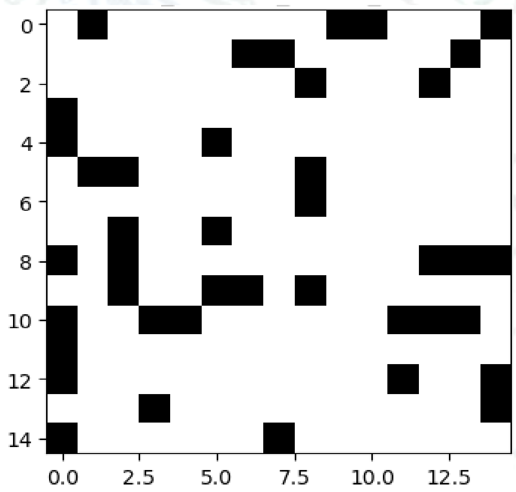
$$A_{ij} = \begin{cases} 1 & i \text{ può essere infettato da } j \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

```
[[0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 1. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0.]
 [0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0.]
 [0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 1. 1. 0. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 1. 0. 1. 0. 0.]
 [0. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 1. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 1. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1.]
 [0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 1. 1. 0.]
 [0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0.]
 [0. 1. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1.]
 [0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0.]
 [0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1.]
 [1. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0.]
 [0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0.]
 [1. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 1. 0. 0. 0.]
 [0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 1. 1. 0. 0. 0.]
 [0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 1. 0. 0. 0. 1. 0. 1. 0. 0. 0. 0. 0.]]
```

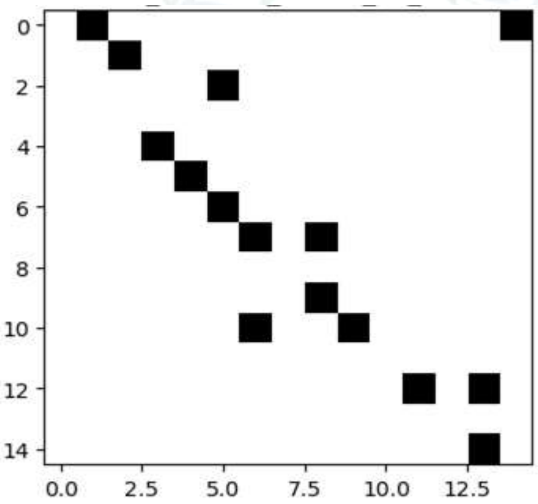
Modelli di rete differenti

Altre tipologie di rete possono essere:

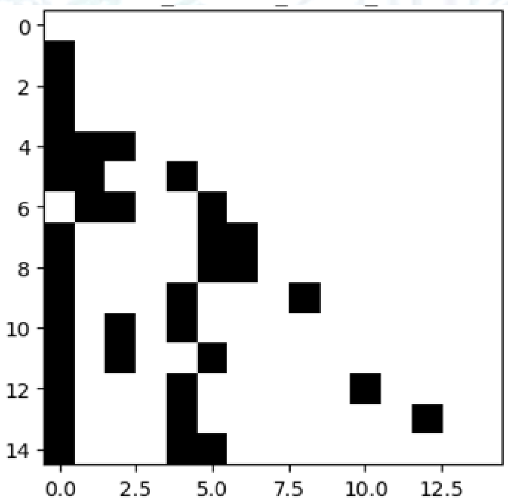
Erdös-Rényi



Watts-Strogatz o Small-World



Barabási-Albert



Proprietà ergodiche della dinamica individuale

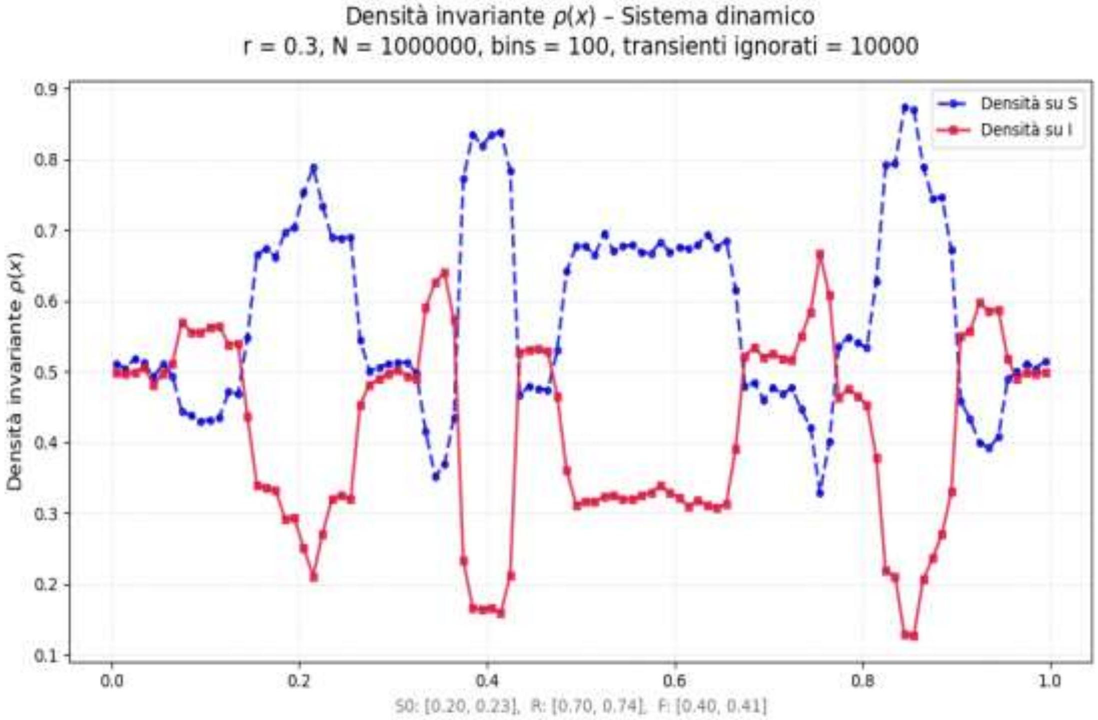
La misura invariante ergodica, che descrive la distribuzione degli stati, dopo un transiente per eliminare la dipendenza dalle condizioni iniziali, è la misura invariante ergodica $\mu(E)$, con $E \subset X$. La misura si ottiene tramite la media di Birkhoff:

$$\lim_{N \to +\infty} \frac{1}{N} \sum_{n=1}^{N} \chi_E(x(n)) = \int_E \rho(x)dx = \mu(E)$$

A ogni $\mu(E)$ è associata una densità caratteristica $\rho(x)$, secondo la regola $\rho(x)dx = d\mu(x)$. Di seguito il grafico della densità associata a X in funzione di x.

I valori delle misure dei sottoinsiemi di S e I risultano:

- $\mu(S0) \approx 0.022758$
- $\mu(S1) \approx 0.560329$
- $\mu(I0) \approx 0.394155$
- $\mu(R) \approx 0.021091$
- $\mu(F) \approx 0.001668$
- Somma ≈1



Funzione di distribuzione cumulativa (CDF)

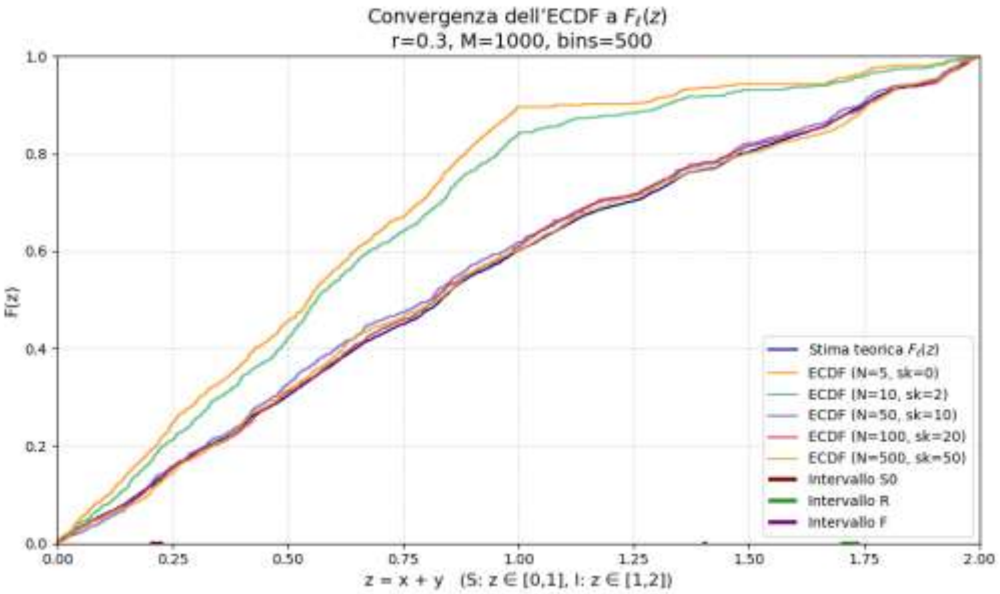
La funzione di distribuzione cumulativa (CDF) associata a una misura " μ "è definita così:

$F(z) = \mu(\{x \in X : x \leq z\}) = \int_0^z \rho(z')dz'$

Indica la probabilità che la variabile sia 0≤z≤z

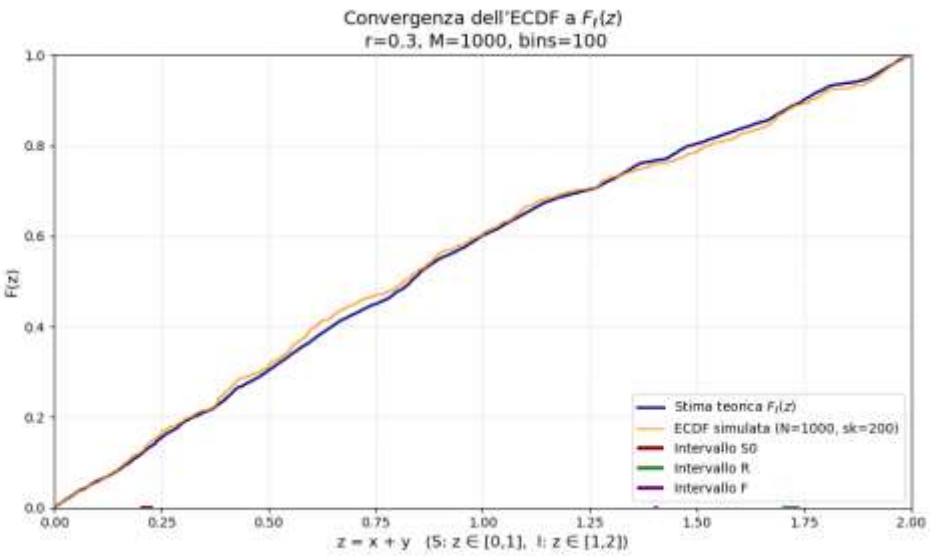
Nel grafico si confrontano le due modalità di calcolo della CDF:

- Empirica: ottenuta ordinando i dati simulati e calcolando le frequenze cumulative
- Teorica: calcolata integrando la densità invariante $\rho(z')$ (somma discreta dei bin per la larghezza del bin).



Convergenza e numero di Lyapunov

Con l’aumentare delle iterazioni e degli individui $N, M \to \infty$ la CDF calcolata empiricamente converge a quella teorica:



L’esponente di Lyapunov misura la velocità media di separazione tra due traiettorie che partono da condizioni iniziali molto vicine:

$$\lambda_T = \int \ln(|f'(x)|)\, d\mu(x) =$$

$$= \lim_{N \to +\infty} \frac{1}{N} \sum_{n=1}^{N} \ln(|f'(f^n(x_0)|) = 0.610864$$

La stima del numero di Lyapunov risulta:

$$\lambda_S = 0.376386$$

Siccome il sistema epidemiologico ha un esponente di Lyapunov **positivo**, significa che piccole variazioni (es. nel numero di suscettibili o infetti) possono portare a scenari molto diversi → dinamica imprevedibile e caotica.

Modelli comportamentali e regole di contagio

La regola di contagio interno alla rete è data da un potenziale lineare di trasmissione dell'infezione $V(x) = kx \;\; k \in [0,1]$:

- $x_i \in S_1 \rightarrow K_i = \max_j \{A_{ij} V(x_j) \mid x_j \in I_0\} = k \max_j \{x_j \mid A_{ij} = 1,\, x_j \in I_0\}\; con\; A_{ij} matrice\; di\; adiacenza$

- $x_i \in S_1 \wedge x_i + K_i > 1 \Rightarrow x_i \rightarrow x_i + K_i - 1 \in I_0$

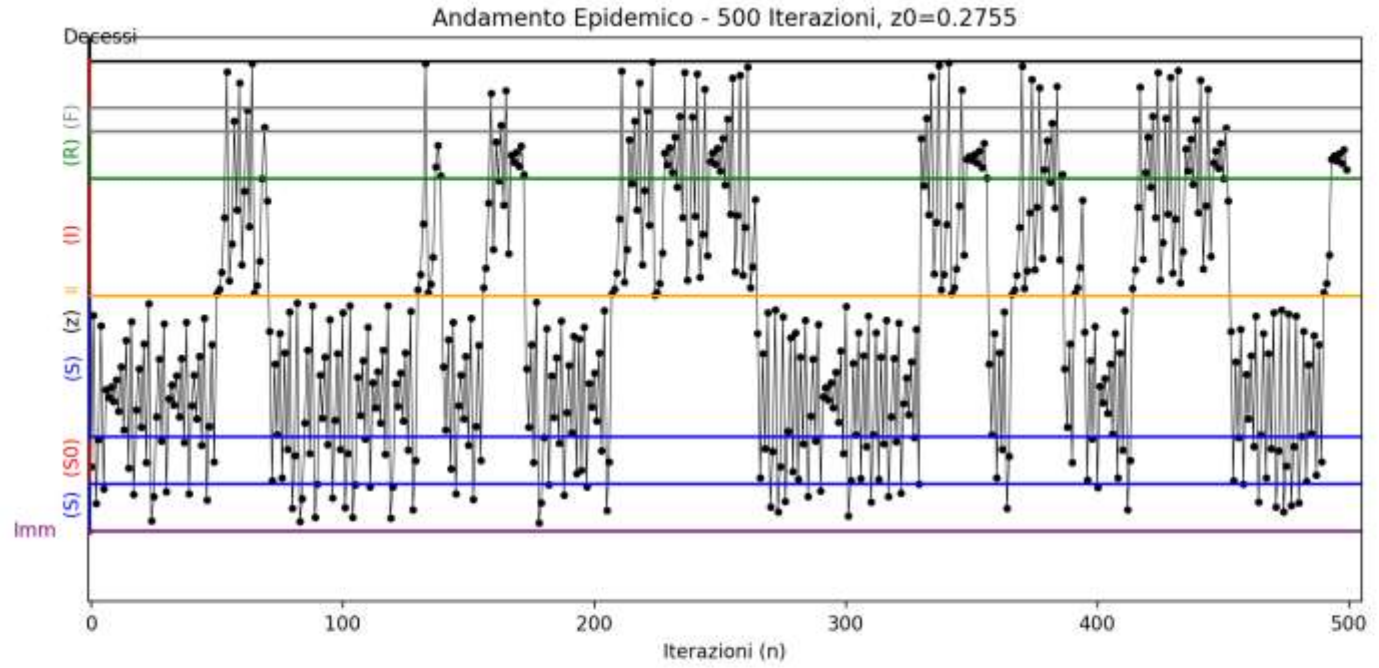
Ora lo spazio delle fasi non è più quello del singolo individuo, bensì il prodotto cartesiano degli M individui. L'evoluzione è rappresentata da una mappa $F: X^M \rightarrow X^M$ divisa in due step:

- Dinamica individuale: ogni variabile x evolve secondo la trasformazione f.
- Regole di contagio: si implementa il contagio sulla rete. L'operatore K "mescola" le componenti del vettore: lo stato di un individuo può cambiare in base a quelli connessi nella rete.

$$\begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ . \\ . \\ . \\ x_M \end{pmatrix} \rightarrow \begin{pmatrix} f(x_1) \\ f(x_2) \\ . \\ . \\ . \\ f(x_M) \end{pmatrix} \rightarrow K \begin{pmatrix} f(x_1) \\ f(x_2) \\ . \\ . \\ . \\ f(x_M) \end{pmatrix} \rightarrow F \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ . \\ . \\ . \\ x_M \end{pmatrix}$$

Dinamica complessiva

Tenendo ora conto anche dei contagi di rete, la dinamica risulta:



Transizioni compartimentali

Si introducono variabili macroscopiche per descrivere il sistema, rappresentate dagli intervalli S e I. I processi che guidano l'evoluzione sono:

- Infezione: una frazione α di S diventa malata
- Recupero: una frazione β di I recupera e o decede, venendo subito rimpiazzati
- Contagio in rete: è un processo di second'ordine che coinvolge il prodotto IS, caratterizzato dalla costante γ.

Tale sistema è descritto quindi dall'equazione:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha S + \beta I - \gamma IS \;\; con\, I + S = 1\; e\, \frac{dS}{dt} = -\frac{dI}{dt}$$

Riscrivendo tutto secondo la variabile I:

$$\frac{dI}{dt} = \alpha - (\alpha + \beta - \gamma)I - \gamma I^2 = \mathrm{g(I)}$$

La soluzione di tale equazione a partire dalla condizione iniziale $I(0) = I_0$ risulta:

$$\frac{I(t) - I_\infty}{I_0 - I_\infty} = \frac{A}{e^{\phi t} + A - 1}$$

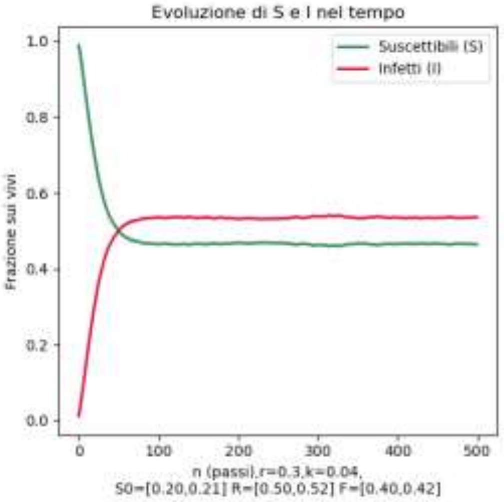
Dove $A = \frac{I_\infty - J}{I_0 - J}$ $\quad \phi = \gamma(I_\infty - J) = \gamma I_\infty + \frac{\alpha}{I_\infty}$ $\quad I_\infty$ e J rispettivamente la radice positiva e negativa di $g(I)$=0

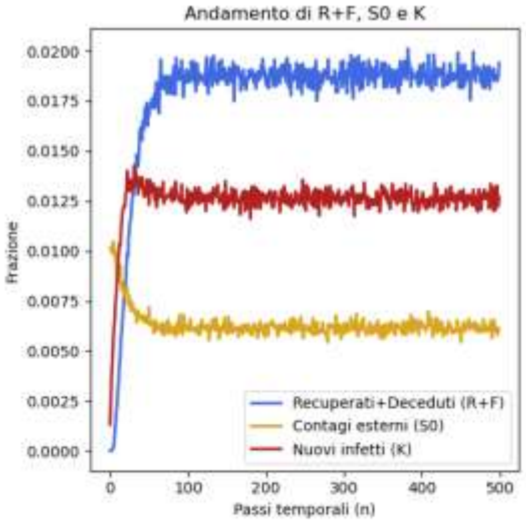
Evoluzioni degli stati I

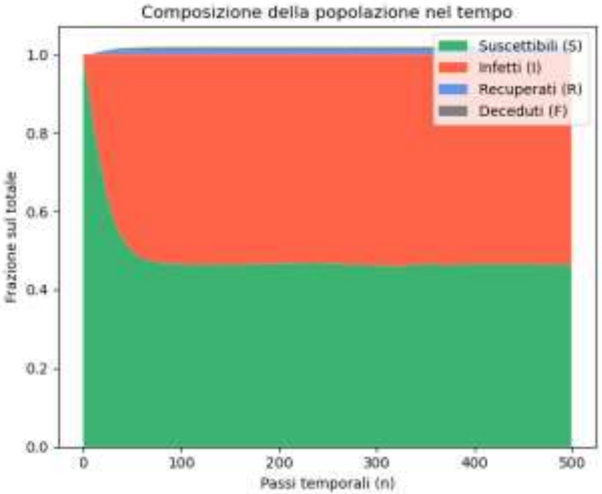
Le costanti associate alle evoluzioni degli stati, della precedente equazione differenziale, trovate empiricamente risultano:

$$\alpha = \frac{\overline{S_0}}{\bar{S}} = 0.013 \qquad \beta = \frac{\overline{R+F}}{\bar{I}} = 0.036 \quad \gamma = \frac{\bar{K}}{\overline{SI}} = 0.051 \quad I_{\infty}=0.523 \quad J=-0.494$$

Di seguito i grafici associati a tali evoluzioni:



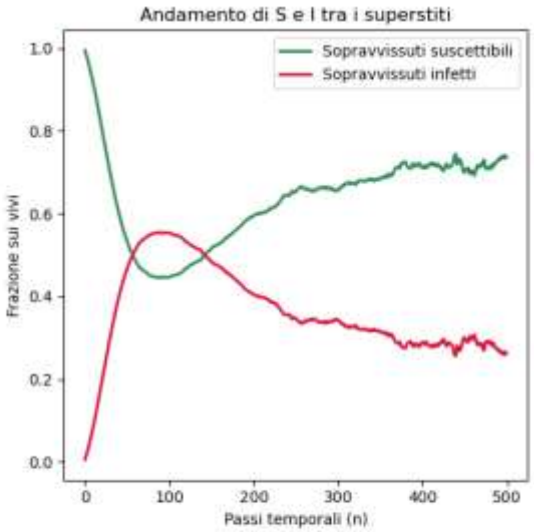


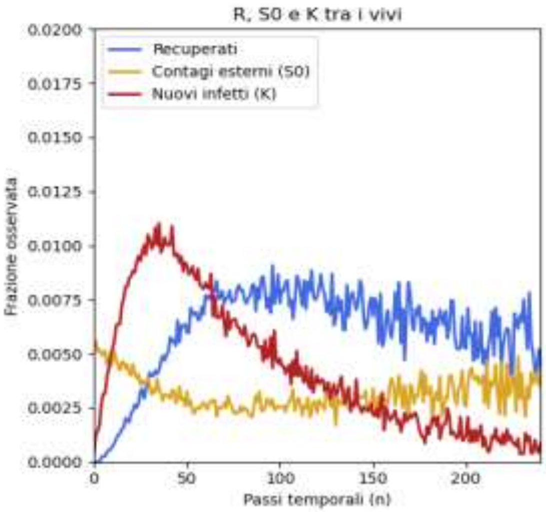


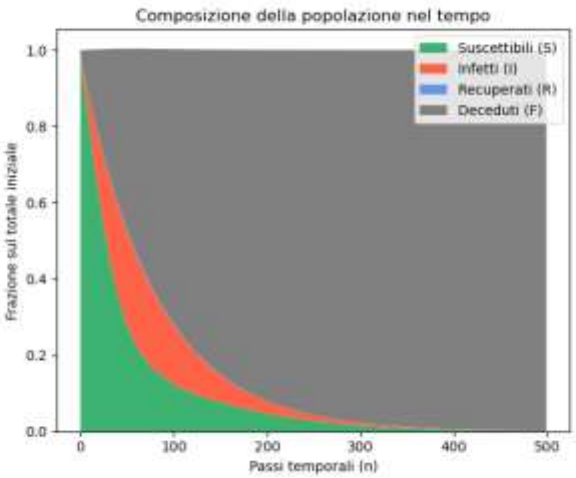
Evoluzione degli stati II

A differenza del caso precedente, aggiungiamo al processo una nuova dinamica: la frazione δ di coloro che muoiono non viene rimpiazzata nel sistema, si aggiunge un nuovo termine all'equazione $\rightarrow \frac{dI}{dt} = -\frac{dS}{dt} - \delta I$

Di seguito i grafici associati alla nuova dinamica:







Conclusioni

- Il modello dinamico mostra come la diffusione di un’infezione possa essere rappresentata tramite stati e transizioni deterministiche ma caotiche.
- La popolazione si distribuisce in maniera prevalente tra suscettibili (S1) e infetti (I0), mentre recupero (R) e fatalità (F) risultano eventi meno frequenti.
- La misura ergodica calcolata indica una stabilizzazione delle proporzioni di individui nei diversi stati, indipendentemente dalle condizioni iniziali.
- Le simulazioni evidenziano la possibilità di periodi di immunità temporanea, ma anche il ritorno alla suscettibilità, che alimenta nuove ondate epidemiche.
- L’introduzione di reti di contagio (Erdös-Rényi, Small-World, Barabási-Albert) mostra differenze sostanziali nella velocità e ampiezza della diffusione.
- I parametri del modello influenzano direttamente l’esito: maggiore probabilità di recupero aumenta la quota di immuni, mentre una più alta probabilità di fatalità riduce la persistenza della dinamica.
- Il sistema converge a un equilibrio caotico ma stabile, utile per interpretare scenari epidemiologici realistici e supportare strategie di contenimento.