

Premesse.

Uno dei modelli più semplici per descrivere l'evoluzione di un'epidemia (per esempio il COVID 19) è il cosiddetto *modello SIR*. In questo modello la popolazione viene suddivisa in tre classi: suscettibili (S), infettivi (I) e rimossi (R).

S: I suscettibili sono individui sani che non hanno ancora contratto la malattia e possono ammalarsi.

I: Gli infettivi (o infetti) sono gli individui malati (che possono trasmettere la malattia).

R: I rimossi sono dati dalla somma di coloro che hanno contratto la malattia e ne sono poi guariti (avendo sviluppato gli anticorpi che li rendono immuni) e dei deceduti a causa della malattia.

L'epidemia evolve con due processi distinti:

1: contagio. Ogni volta che un individuo suscettibile viene in contatto con un infettivo ha una certa probabilità di contrarre la malattia e diventare infettivo anch'esso.

2: guarigione o morte. Gli infettivi diventano rimossi a causa di guarigione o morte.

Ipotesi del modello.

1. Si suppone che l'epidemia duri per un periodo di tempo sufficientemente breve da poter trascurare nascite e morti non dovute all'epidemia stessa. Modelli con questa proprietà si dicono “epidemici” o “a popolazione chiusa”.
2. La popolazione totale è sufficientemente numerosa da poter utilizzare numeri reali per indicare il numero di individui di ciascuna classe (naturalmente si tratta di un'approssimazione perché è ovvio che ciascuna classe non può che contenere un numero naturale di individui).
3. Il passaggio da una classe all'altra avviene istantaneamente (anche questa è un'approssimazione).
4. Il contagio avviene quando vi è un contatto diretto di un individuo suscettibile e uno infettivo. In tal caso, l'individuo suscettibile diventa infettivo con una certa probabilità prefissata (che si assume costante: anche questa è un'approssimazione). Si assume anche che tutti gli individui abbiano le stesse probabilità di incontrarsi. Pertanto, il numero di suscettibili che, nell'unità di tempo, diventano infettivi (per effetto del contagio) è proporzionale al prodotto del numero dei suscettibili per il numero degli infettivi: si indichi con β la relativa costante di proporzionalità.
5. Il numero di individui infettivi che, nell'unità di tempo, si spostano nella classe dei rimossi è proporzionale al numero di infettivi: si indichi con α la relativa costante di proporzionalità.

Considerazione. Questo modello serve a descrivere l'evoluzione della malattia in assenza di interventi esterni ossia senza azioni di controllo. Il passo successivo (non trattato in questo esercizio) è capire come opportune azioni di controllo (per es. separazione sociale che riduce il rischio di contatto fra infettivi e suscettibili, e quindi trasforma il parametro β in un ingresso di controllo, o vaccinazione la quale introduce un ingresso di controllo che permette un passaggio diretto fra la classe dei suscettibili e quella dei rimossi) possano migliorare la situazione.

Problema.

Si scriva il modello SIR in forma di equazioni di un modello di stato senza ingressi scegliendo opportunamente le variabili di stato e considerando come uscita $y(t)$ il numero complessivo di deceduti fino all'istante t assumendo che il 5% dei rimossi sia costituito da individui deceduti a causa della malattia. Supponendo che all'istante iniziale ci sia 1 individuo infettivo (il cosiddetto “paziente zero”), 1 milione di individui suscettibili e nessun rimosso, si scriva un programma (in Matlab o altro linguaggio) che calcola l'evoluzione del numero degli individui nelle tre classi.

A tal fine si assuma che $\alpha = \frac{1}{6}$ giorni⁻¹ e si considerino i due casi seguenti:

(i) malattia molto contagiosa: $\beta = \frac{1}{2 \cdot 10^6}$ giorni⁻¹ · persone⁻¹.

(ii) malattia poco contagiosa: $\beta = \frac{1}{5 \cdot 10^6}$ giorni⁻¹ · persone⁻¹.

Attenzione alle unità di misura!

Per ciascuno dei due casi si utilizzino le traiettorie calcolate dal programma per determinare:

- la durata dell'epidemia (ossia il tempo dopo il quale il numero di infetti è minore di 1);
- il numero complessivo di deceduti dopo che l'epidemia è terminata;
- il numero di individui che non hanno contratto la malattia dopo che l'epidemia è terminata;

Infine, per ciascuno dei due casi, si tracci il grafico dell'uscita dall'istante iniziale al termine dell'epidemia mettendo in ascissa il tempo in opportune unità di misura e in ordinata $y(t)$.

Nella prima pagina del documento consegnato si riportino solo i risultati numerici e i grafici richiesti, come nel seguente *template*:

Modello di stato: si riportino le equazioni del modello.

Caso (i):

Durata: X1 giorni

N. complessivo di deceduti: Y1 persone

N. di individui che non hanno contratto la malattia: Z1 persone

GRAFICO1

Caso (ii):

Durata: X2 giorni

N. complessivo di deceduti: Y2 persone

N. di individui che non hanno contratto la malattia: Z2 persone

GRAFICO2

Nelle pagine successive si riportino i ragionamenti e i passaggi fatti e il programma adeguatamente commentato.

Suggerimenti

Per ottenere un programma che calcola la soluzione di un'equazione differenziale del tipo

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

con condizioni iniziali $x(0) = x_0$ assegnate e ingresso $u(t)$ noto, si seguano i seguenti passi:

1. Si discretizzi il tempo considerando gli istanti $t_0 = 0, t_1, t_2, \dots$ dove gli intervallini fra un istante e il successivo hanno la stessa durata δ_t che è sufficientemente piccola (si riduca la durata di ciascun intervallo fino a che si constata che un'ulteriore riduzione non cambia sostanzialmente la soluzione).
2. Lo stato $x(0) = x_0$ al tempo $t_0 = 0$ è assegnato. Per lo stato al tempo t_1 , si approssimi la derivata col rapporto incrementale ottenendo $x(t_1) = x_0 + \dot{x}(0)\delta_t = x_0 + f(x_0, u(0))\delta_t$.
3. Si iteri il procedimento ottenendo $x(t_2) = x(t_1) + f(x(t_1), u(t_1))\delta_t$, $x(t_3) = x(t_2) + f(x(t_2), u(t_2))\delta_t$ e così via.

Di seguito, come esempio, è riportato un programma Matlab (debitamente commentato) per il calcolo della soluzione della seguente equazione dall'istante iniziale $t_0 = 0$ all'istante finale $t_f = 50$

$$\dot{x} = \begin{bmatrix} x_2 \\ -\sin(x_1) \end{bmatrix}, \quad x(0) = x_0 = \begin{bmatrix} 0.1 \\ 0 \end{bmatrix}$$

```
delt=0.001 %si fissa l'ampiezza degli intervallini
x0=[0.1;0]; %si fissa lo stato iniziale
x1=x0(1); %si denota con x1 la prima componente dello stato corrente
x2=x0(2); %si denota con x2 la seconda componente dello stato corrente
x=x0 %inizialmente la traiettoria di stato contiene solo lo stato iniziale
for t=0:delt:50 %in ciascun istante ...
x1p=x2; %si calcola la derivata della prima componente dello stato ...
x2p=-sin(x1); %e la derivata della seconda componente dello stato
x1=x1+x1p*delt; %si calcola la prima componente dello stato all'istante successivo
x2=x2+x2p*delt; %e la seconda componente dello stato all'istante successivo
xs=[x1;x2]; %si sovrappongono le due componenti
x=[x xs]; %si allunga la traiettoria di stato giustapponendo alla traiettoria
%gia' calcolata fino a questo momento lo stato all'istante successivo
end
%Alla fine x e' una matrice con due righe (il numero di componenti dello stato) e
%50002 colonne (il numero di istanti t_i considerati). La prima riga di x contiene
%la traiettoria della prima componente dello stato. Analogamente per la seconda.
```

Attenzione che in questo esempio l'istante finale t_f è fissato mentre per l'esercizio si dovrà provare un valore di t_f e aumentarlo fino a che non si vede dalle traiettorie della simulazione che l'epidemia è terminata. Nei due casi (i) e (ii) si troveranno valori molto diversi di t_f .