



**Politecnico
di Torino**

MODELLI MATEMATICI PER LA BIOMEDICINA

**Covid-19 (Italia)
Modelli epidemiologici su Network**

Gioana Teora s267379 Diego Urbani s275324

Anno Accademico 2020-2021

Indice

1	Introduzione	1
2	Metodi	2
2.1	Modello SIR	2
2.2	Modello SEIR	4
2.2.1	Analisi qualitativa di alcune caratteristiche basilari dei modelli matematici SEIR e SEIQRP	5
2.3	Modelli con parametri costanti a tratti	6
2.4	Modelli su Rete	7
3	Risultati	11
3.1	Algoritmo	11
3.1.1	Fase di pre-processing	11
3.1.2	Implementazione dell'algoritmo	12
3.2	Condizioni iniziali e termine diffusivo	12
3.2.1	Periodo 1 (22-03-2020/26-04-2020)	12
3.2.2	Periodo 2 (27-04-2020/11-06-2020)	15
3.2.3	Periodi successivi sino al 24-12-2020	15
3.3	Simulazioni numeriche	16
3.3.1	Coupling strength e topologia del network	19
4	Conclusioni	19
Riferimenti bibliografici		23
A	Scenario legislativo	24

1 Introduzione

La **COVID-19** è una malattia infettiva causata dal virus SARS-CoV-2, appartenente al genere *Betacoronavirus*. Essa si manifesta nell'uomo con una molteplicità di sintomi di diversa gravità, spesso di tipo simil-influenzale, e possono riguardare a più livelli il sistema respiratorio comportando un quadro di sindrome respiratoria acuta grave (*Severe Acute Respiratory Syndrome*, da cui l'acronimo *SARS*). I primi casi sospetti nell'uomo sono stati riscontrati dalle autorità sanitarie della città di Wuhan, in Cina, intorno alla metà di dicembre del 2019, mentre la comunicazione ufficiale della diffusione alla OMS è avvenuta il 31 dicembre 2019. Dichiarata come pandemia dalla OMS in data 11 marzo 2020, la rapida diffusione, le modalità che favoriscono il contagio e la mancanza iniziale sia di un protocollo unificato di cure farmacologiche che di un vaccino, hanno portato in breve tempo i sistemi sanitari di gran parte del mondo a dover far fronte ad un numero considerevole di malati, spesso caratterizzati da un quadro clinico severo e necessitante di trattamenti intensivi.

Per evitare il collasso dei sistemi sanitari e contenere il numero di morti (al momento in cui si scrive, quantificati in oltre 1.6 milioni in tutto il mondo su un totale di oltre 72.6 milioni di casi), la maggior parte dei governi del mondo ha deciso di adottare delle strategie di contenimento dell'epidemia basate su specifiche limitazioni all'interazione sociale diretta tra gli individui, nonché alla loro mobilità sia internazionale ([10]) che all'interno dei singoli territori (spesso note come **NPI**, *Non Pharmaceutical Interventions*, [2]). Tali limitazioni permettono di mitigare la progressione dell'epidemia a livello locale, agevolandone la gestione da parte dei sistemi sanitari, ma continuano ad avere notevoli ripercussioni in negativo sia in termini economici (ad esempio, il calo del PIL, si veda in [11] per l'Italia), che in termini sociali. Risulta pertanto importante l'adozione in tempi rapidi di interventi che, in attesa dell'autorizzazione di un vaccino, possano essere flessibili nel far fronte ad una ripresa del contagio, ma con un impatto ragionevolmente limitato sull'economia e sul settore lavorativo. In tale contesto, i modelli matematici risultano essere dei validi strumenti di supporto nella valutazione degli effetti di misure più o meno restrittive sull'andamento epidemiologico. In particolare, studi sulla diffusione del virus tra le regioni possono validare misure restrittive presi in termini di mobilità interregionale.

Al fine di illustrare le potenzialità della modellazione matematica nella previsione della dinamica epidemiologica, vengono presentati i risultati relativi all'implementazione su rete ([2]) di una variazione ([9]) del modello SIR. I nodi della rete sono costituiti da sei regioni italiane: Piemonte, Lombardia, Veneto, Emilia-Romagna, Toscana, Marche. La scelta di tali regioni è legata sia agli assi viari che le attraversano (tra i quali le autostrade A1 e A14), strategici dal punto di vista del commercio e del turismo, sia al fatto che sono state le prime regioni italiane in cui sono stati individuati focolai di *Sars-CoV-2* ampi e non tracciabili, indice di una diffusione incontrollata dell'epidemia. Attraverso i risultati si vuole quindi operare un confronto tra le curve epidemiologiche ottenute simulando le misure adottate dal 22 marzo 2020 al 23 dicembre 2020 ed i dati reali ottenuti dai monitoraggi giornalieri a cura dell'Istituto Superiore di Sanità.

2 Metodi

2.1 Modello SIR

Il modello **SIR** (*Susceptible-Infected-Recovered*), proposto all'inzio del ventesimo secolo da Kermack-McKendrick ([3],[4]), descrive la trasmissione di una malattia infettiva in una popolazione di N individui, uniformemente distribuita rispetto ai contatti: ogni individuo, in questo modo, ha uguale probabilità di entrare in contatto con ogni altro membro della popolazione. L'evoluzione viene osservata in una finestra temporale sufficientemente breve da rendere trascurabili le variazioni nel numero di individui dovute a natalità o mortalità per differenti cause, motivo per cui si può assumere N costante.

La popolazione viene suddivisa in tre categorie di individui interagenti:

- S rappresenta la categoria degli individui *suscettibili* all'infezione;
- I rappresenta la categoria degli individui *infetti*, ovvero gli individui che hanno contratto l'agente infettivo; assumendo che il periodo di incubazione sia trascurabile rispetto alla finestra di osservazione dell'evoluzione, un individuo viene classificato come *infetto* nel momento in cui contrae il virus;
- R rappresenta la categoria degli individui che hanno terminato il decorso della malattia (in inglese *recovered*), con esito positivo (guariti) o infausto (morti). Nessuna evidenza scientifica è in grado ancora di confermare o meno l'ipotesi di immunità a seguito di un primo contagio (e che quindi un individuo guarito possa risultare di nuovo suscettibile), sebbene in [15] si conclude abbia una durata fino ad otto mesi; tuttavia, si assume di osservare una finestra temporale dell'evoluzione della dinamica epidemica sufficientemente breve da rendere trascurabile il numero di casi di ri-contagio.

Il modello SIR può essere descritto dal seguente sistema di ODE :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta \frac{S}{N} I \\ \dot{I} = \beta \frac{S}{N} I - \gamma I \\ \dot{R} = \gamma I \end{cases} \quad (2.1)$$

con condizioni iniziali

$$S(0) = S_0 > 0 \quad I(0) = I_0 > 0 \quad R(0) = 0$$

dove $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ rappresentano rispettivamente il numero di individui suscettibili, infetti e con decorso terminato, all'istante di tempo $t > 0$ e $\dot{S}, \dot{I}, \dot{R}$ indicano le derivate temporali di S, I, R rispettivamente. Inoltre:

- $\beta > 0$ [giorni^{-1}] è un parametro del modello, assunto costante, che rappresenta il tasso di infezione, ovvero il numero medio di persone che una persona infetta contagia al giorno.
- $\gamma > 0$ [giorni^{-1}] è un parametro del modello che rappresenta il tasso con cui un individuo del gruppo I viene riclassificato come individuo del gruppo R a seguito di guarigione o morte; tale tasso, indicato nel seguito (pur con ambiguità nella terminologia) come *tasso di guarigione*, viene assunto anch'esso costante ed è pertanto

dato dalla somma del tasso di guarigione con il tasso di morte di un individuo infetto, i.e. $\gamma = \gamma_R + \gamma_D$. Il suo reciproco $1/\gamma$ si può identificare come una misura del tempo in cui l'individuo rimane infetto.

Sommando membro a membro le tre equazioni e sfruttando le condizioni iniziali, si può dedurre che il modello conserva il numero totale di individui N . Da ciò consegue che le soluzioni (S, I, R) per il sistema 2.1 devono essere non negative e limitate da N . In particolare, ponendo $R(0) = 0$, segue che ogni coppia di condizioni iniziali S_0, I_0 deve soddisfare:

$$S_0 + I_0 = N.$$

Dati i parametri β, γ e le condizioni iniziali S_0 e I_0 , risulta fondamentale capire se tale infezione tenderà a diffondersi o meno e, in caso affermativo, capire dopo quanto tempo comincerà il suo declino.

Osservando che

$$\left[\frac{dI}{dt} \right]_{|t=0} = I_0 \left(\beta \frac{S_0}{N} - \gamma \right) > 0 \Leftrightarrow \frac{\beta}{\gamma} > \frac{N}{S_0}$$

definiamo

$$R_0 \equiv \frac{\beta}{\gamma}, \quad (2.2)$$

detto *basic reproduction number* dell'infezione, ovvero il numero di infezioni secondarie che possono essere prodotte a partire da un'unica infezione in una popolazione interamente suscettibile. In particolare:

- se $R_0 > \frac{N}{S_0}$, il numero di infetti è crescente e l'epidemia può svilupparsi;
- se $R_0 < \frac{N}{S_0}$, l'epidemia non può svilupparsi.

Per valutare la dinamica epidemica, si analizza la fase in cui l'epidemia raggiunge il suo apice, calcolando il massimo di I in funzione di S :

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dI} = \frac{\beta S}{N\gamma - \beta S} \Leftrightarrow \frac{N\gamma - \beta S}{\beta S} dS = dI \\ \Rightarrow I(S) = I_0 + S_0 - S + \frac{N\gamma}{\beta} \log \left(\frac{S}{S_0} \right) \\ \Rightarrow I(S) = I_0 + S_0 - S + \frac{N}{R_0} \log \left(\frac{S}{S_0} \right) \\ \frac{dI}{dS} = 0 \Rightarrow -1 + \frac{N}{R_0} \frac{1}{S} \Leftrightarrow S_{max} = \frac{N}{R_0} \\ \Rightarrow I_{max} = I_0 + S_0 - \frac{N}{R_0} \left(1 + \log \left(\frac{R_0 S_0}{N} \right) \right), \end{aligned} \quad (2.3)$$

ovvero, se l'epidemia può svilupparsi $R_0 > \frac{N}{S_0}$ il numero di infetti cresce fino a raggiungere il suo valore massimo I_{max} . Quando S diventa inferiore a S_{max} , un individuo infetto ha più probabilità di guarire o morire piuttosto che infettare altre persone, e così il numero di infetti comincia a decrescere.

Come si evince in [1], il tempo t_{max} corrispondente a S_{max}, I_{max} può essere calcolato nel seguente modo:

$$\frac{dt}{dS} = -\frac{N}{\beta} \frac{1}{SI} = -\frac{N}{\beta} \frac{1}{S \left(I_0 + S_0 - S + \frac{N}{R_0} \log \left(\frac{S}{S_0} \right) \right)},$$

dove si è utilizzata la relazione 2.3. Integrando tale espressione da S_{max} a S_0 si ottiene

$$t_{max} = \frac{1}{\beta} \int_{S_{max}}^{S_0} \frac{1}{S \left(I_0 + S_0 - S + \frac{N}{R_0} \log \left(\frac{S}{S_0} \right) \right)} dS. \quad (2.4)$$

In generale, da quanto è stato possibile osservare grazie a epidemie precedenti, un'epidemia termina prima che tutta la popolazione diventi infetta.

Tale modello mostra pertanto che per ridurre il picco della curva degli infetti sia necessario intervenire tramite delle politiche che abbiano come scopo quello di minimizzare il termine $\frac{\beta S_0}{\gamma}$. In assenza di cure o vaccini, non è possibile aumentare il tasso di guarigione γ . Si potrebbe, invece, minimizzare il tasso di infezione β introducendo norme come utilizzo della mascherina, lavarsi spesso le mani e distanziamento sociale. Politiche come il lockdown potrebbero invece ridurre il numero di individui suscettibili.

2.2 Modello SEIR

Il modello SEIR [7], generalizzazione del modello SIR, introduce una nuova classe, quella degli esposti (E) che permette di modellare il periodo di incubazione, il quale rappresenta *quel periodo finestra tra il momento in cui il nostro corpo viene aggredito dal virus e il momento in cui cominciano a manifestarsi i sintomi della patologia, che coincide generalmente anche con il momento in cui diventiamo a nostra volta infettivi e possiamo accettare la presenza dell'infezione tramite gli opportuni controlli diagnostici, come il tampone.*¹

Nella sua classica forma modella infatti l'interazione tra quattro categorie di individui: suscettibili (S), esposti (E), infetti segnalati come tali e infettivi (I) ed individui con decorso della malattia terminato (R), anche qui da intendersi con esito sia positivo che infausto. Tale modello può essere descritto tramite il seguente sistema di ODE:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta I \frac{S}{N} \\ \dot{E} = \beta I \frac{S}{N} - \lambda E \\ \dot{I} = \lambda E - \gamma I \\ \dot{R} = \gamma I \end{cases}. \quad (2.5)$$

I parametri del sistema 2.5 hanno come unità di misura $giorno^{-1}$. In particolare, il nuovo parametro λ è l'inverso del periodo di incubazione del virus.

Una generalizzazione del modello SEIR (cui nel seguito si farà riferimento come *modello SEIR modificato* o, più semplicemente come SEIQRP [9],[2]), la quale permette di

¹Citazione presa da [13].

valutare anche l'efficienza di politiche quali il lockdown e l'efficienza dell'autorità nel segnalare gli individui infetti, è rappresentata dal seguente sistema di equazioni:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta I \frac{S}{N} - \alpha S + \omega P \\ \dot{E} = \beta I \frac{S}{N} - \lambda E \\ \dot{I} = \lambda E - \delta I \\ \dot{Q} = \delta I - \gamma Q \\ \dot{R} = \gamma Q \\ \dot{P} = \alpha S - \omega P \end{cases} \quad (2.6)$$

dove

- P numero delle persone *protette*. Come in [2], si suppone infatti che un certo numero di individui suscettibili, grazie all'applicazione di alcune misure preventive che prevengono l'esposizione al virus, come quelle messe a punto dai governi su contesti locali o nazionali, non risultino essere suscettibile al virus;
- α [*giorni*]⁻¹ è un parametro denominato *protection rate*;
- I diventa il numero di individui infetti e infettivi non ancora segnalati all'autorità;
- Q numero degli individui infetti che si trovano in quarantena a seguito di comparsa dei sintomi ed esito positivo al test (tampone molecolare). È importante distinguere tra una persona infetta e una persona infetta posta in quarantena, poiché quest'ultima non dovrebbe più esser messa nelle condizioni di contagiare a sua volta altri individui. Questa differenziazione tra I e Q se da un lato riflette una minor tempestività da parte delle autorità sanitarie competenti nel segnalare le nuove positività riscontrate, dall'altro è dovuto anche alla presenza dei cosiddetti asintomatici che non presentano in alcuna fase di sviluppo dell'infezione sintomi evidenti, ma che comunque risultano in grado di contagiare altre persone.
- δ [*giorni*]⁻¹ è il tasso con cui un individuo passa dalla categoria I alla categoria Q . Esso risulta proporzionale al numero di persone infette e confermate come tali.

Anche in tal caso, tutti i parametri presenti nel modello si assumono strettamente positivi e hanno come dimensione [*giorni*⁻¹].

2.2.1 Analisi qualitativa di alcune caratteristiche basilari dei modelli matematici SEIR e SEIQRP

Si noti che in entrambi i modelli SEIR e SEIQRP si conserva il numero totale di individui della popolazione N oggetto di studio, supposta al momento chiuso. Si suppone quindi che il periodo di osservazione $[0, T]$, $T > 0$ sia anche qui sufficientemente breve da rendere trascurabili gli effetti di natalità e mortalità per cause differenti.

Esistenza, positività e limitatezza delle soluzioni Posto $x = (S, E, I, Q, R, P)^T \in (\mathbb{R}^+)^6$ e $\mu = (\beta, \alpha, \omega, \lambda, \delta, \gamma)^T \in (\mathbb{R}^+)^6$, il sistema 2.6 si può riscrivere come

$$\dot{x}(t) = f(x(t), \mu) = \begin{bmatrix} -\beta I \frac{S}{N} - \alpha S + \omega P \\ \beta I \frac{S}{N} - \lambda E \\ \lambda E - \delta I \\ \delta I - \gamma Q \\ \gamma Q \\ \alpha S - \omega P \end{bmatrix}, \quad t > 0$$

Al fine di provare che il problema 2.6 sia ben posto nel senso di Hadamard, introduciamo l'insieme compatto

$$\Omega = \left\{ x = (S, E, I, Q, R, P)^T \in (\mathbb{R}^+)^6 : S + E + I + Q + R + P = N \right\}. \quad (2.7)$$

Proposizione (A.17 in [17]). *Se f è tale che la soluzione del problema 2.6 con condizione iniziale $x(t_0) = x_0 \geq 0$ è unica e $f_i(t, x) \geq 0 \forall i$ quando $x \geq 0$ è tale che $x_i = 0$. Se $x(t_0) \geq 0$, allora $x(t) \geq 0$ per ogni $t \geq t_0$ in cui è definita.*

Teorema 1. *Per ogni $x_0 = (S_0, E_0, I_0, Q_0, R_0, P_0)^T \in \Omega$, il problema di Cauchy definito da 2.6 e $x(0) = x_0$ ammette unica soluzione, denominata $x(t, x_0)$, definita su $[0, \infty)$, le cui componenti sono non-negative. Inoltre, lo spazio Ω definito in 2.7 è positivamente invarianti.*

Dimostrazione. La soluzione del problema di Cauchy definito da 2.6 + $x(0) = x_0$ esiste ed è unica. Infatti, f è lipschitziana (è continua con derivate parziali limitate) in Ω . Inoltre, dalla proposizione 2.2.1 seguente deriva che la soluzione del problema ha componenti non-negative. Infine, poiché la il numero totale di individui nel tempo si conserva, possiamo concludere banalmente che Ω è positivamente invarianti. \square

L'enunciato e la dimostrazione nel caso del modello SEIR sono analoghe.

Punti di equilibrio I disease-free equilibrium dei modelli 2.5 e 2.6 sono

$$\Sigma_{0,SEIR} = (S_0, E_0, I_0, R_0) = (N, 0, 0, 0)$$

$$\Sigma_{0,SEIQR} = (S_0, E_0, I_0, Q_0, R_0, P_0) = \left(\frac{\omega N}{\alpha + \omega}, 0, 0, 0, \frac{\alpha N}{\alpha + \omega} \right).$$

2.3 Modelli con parametri costanti a tratti

I comportamenti umani e le decisione politiche prese per tutelare la salute dei cittadini possono cambiare il numero di riproduzione di base e conseguentemente la dinamica dei sistemi presentati. Al fine di considerare l'impatto di tali cambiamenti, modelliamo i parametri che definiscono il modello come delle funzioni costanti a tratti. Quindi suddividiamo l'intervallo temporale in esame $[0, T]$ in n sotto-intervalli disgiunti

$$[T_0, T_1) \cup [T_1, T_2) \cup \dots \cup [T_{n-1}, T_n]$$

con $T_0 = 0$, $T_n = T$, e introduciamo una funzione μ che risulti costante su ciascun intervallo

$$\mu(t) = \mu_j \in (\mathbb{R}^+)^6 \quad \forall t \in [T_j, T_{j+1}), \quad j = 0, \dots, n-1.$$

Consideriamo la sequenza di problemi di Cauchy

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(x(t), \mu_0) & t \in (T_0, T_1) \quad x(T_0) = x_0 \in \Omega \\ \dot{x}(t) = f(x(t), \mu_j) & t \in (T_j, T_{j+1}) \quad x(T_i) = \lim_{t \rightarrow T_i} x(t) \quad \forall j = 1, \dots, n-1 \end{cases} \quad (2.8)$$

Proposizione (2 in [2]). *Per ogni condizione iniziale $x_0 \in \Omega$, la sequenza dei problemi di Cauchy 2.8 ammette un'unica soluzione globale, le cui componenti sono non negative.*

2.4 Modelli su Rete

In questa sezione proponiamo alcuni modelli che consentano di studiare la propagazione del COVID-19 in Italia, modellando la diffusione del virus tra alcune regioni italiane, ovvero Piemonte, Lombardia, Veneto, Emilia-Romagna, Marche e Toscana. La scelta di tali regioni è legata al fatto che esse sono state le prime regioni italiane in cui sono stati individuati focolai di Sars-CoV-2. La modellizzazione prevede un'implementazione su rete dei modelli analizzati in precedenza (2.1, 2.6), in cui viene però effettuata una distinzione tra la categoria dei guariti (R) e quelli dei deceduti a causa dell'epidemia (D). Inoltre, al fine di valutare l'impatto dei ritardi commessi dalle autorità nell'individuare gli individui infetti e della presenza degli individui asintomatici, la popolazione I nel modello SIR (2.1) verrà identificata con la popolazione Q degli infetti dichiarati come tali perché risultati positivi al tampone molecolare. Notiamo che con questa scelta, il fitting del modello SIR si basa esclusivamente sui dati resi disponibili dai bollettini nazionali, ovvero attuali positivi confermati come tali (Q), guariti (R) e deceduti (D). I modelli risultanti verranno indicati nel seguito con gli acronimi SEIQRDP e SQRD rispettivamente.

Inoltre, poiché nel caso del COVID-19, la contagiosità di un individuo può verificarsi anche sino a due giorni prima della manifestazione dei sintomi ([13]), anche gli individui appartenenti alla categoria E risultano infettivi nell'ultima fase del periodo di incubazione. Ciò riduce la differenza tra le popolazioni E e I , proprie del modello SEIQRDP. Pertanto, inglobando le due popolazioni nell'unica popolazione I , è possibile verificare se effettivamente il periodo di incubazione costituisce un parametro utile per prevedere la diffusione del virus. Tale modello, indicato con SIQRDP, viene descritto dal sistema:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta I \frac{S}{N} - \alpha S + \omega P \\ \dot{I} = \beta I \frac{S}{N} - \delta I \\ \dot{Q} = \delta I - (\gamma_R + \gamma_D) Q \\ \dot{R} = \gamma_R Q \\ \dot{D} = \gamma_D Q \\ \dot{P} = \alpha S - \omega P \end{cases} \quad (2.9)$$

il cui insieme di parametri si riduce a $(\beta, \alpha, \omega, \delta, \gamma_R, \gamma_D)$;

L'implementazione di tali modelli su rete segue quanto fatto in [1],[2]. Si consideri un grafo indiretto \mathcal{G} i cui nodi rappresentano le regioni considerate e i lati sono rappresentati dai principali tratti autostradali che collegano tali regioni, ovvero A4 Torino-Milano, A4 Brescia-Padova, A1 Milano-Bologna, A1 Bologna-Firenze, A21 Torino-Piacenza, A13

Bologna-Padova e A14 Bologna-Ancona. Nel seguito della trattazione verrà utilizzata l'enumerazione dei nodi presente in figura 1 che mostra il grafo utilizzato.



Figura 1: Nella figura viene mostrato il grafo indiretto avente come nodi le regioni considerate, nell'ordine Piemonte, Lombardia, Veneto, Emilia-Romagna, Marche e Toscana, e come lati i principali tratti autostradali che connettono tali regioni, ovvero A4 Torino-Milano, A4 Brescia-Padova, A1 Milano-Bologna, A1 Bologna-Firenze, A21 Torino-Piacenza, A13 Bologna-Padova e A14 Bologna-Ancona.

La scelta di costruire il grafo basandosi sulle principali reti autostradali deriva principalmente da una questione di reperibilità dei dati. È tuttavia un'ipotesi piuttosto restrittiva, in quanto la maggioranza degli spostamenti effettuati in tale periodo sono in realtà legati a esigenze lavorative (si pensi al fenomeno del pendolarismo), verosimilmente coinvolgendo anche il traffico su rotaia.

Indicato con n il numero dei nodi del grafo ($n = 6$), si definisce la matrice $L \in \mathbb{R}^{n \times n}$ associata al grafo mostrato in figura 1 come segue:

$$L = \begin{bmatrix} -L_{21} & L_{12} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ L_{21} & -(L_{12} + L_{32} + L_{42}) & L_{23} & L_{24} & 0 & 0 \\ 0 & L_{32} & -(L_{23} + L_{43}) & L_{34} & 0 & 0 \\ 0 & L_{42} & L_{43} & -(L_{24} + L_{34} + L_{54} + L_{64}) & L_{45} & L_{46} \\ 0 & 0 & 0 & L_{54} & -L_{45} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & L_{64} & 0 & -L_{46} \end{bmatrix}$$

dove l'elemento $L_{ij} > 0, i \neq j$ rappresenta il peso del link che connette il nodo j con il nodo i . Tale matrice ha entrate extra-diagonali non negative e il suo elemento diagonale è stato definito in modo tale che la somma sulle colonne sia nulla. Per la definizione dei pesi del network e quindi della matrice L , si è utilizzato il rapporto $\frac{F_{ij}}{N_j} [giorni^{-1}]$, dove F_{ij} indica il flusso giornaliero diretto da j in i e N_j indica il numero di abitanti della regione

j -esima, come fatto in [6]. Tale valore è stato poi adimensionalizzato moltiplicandolo per la lunghezza della finestra temporale del periodo relativo. In ogni nodo viene definita un’istanza del modello, le quali vengono accoppiate tramite una matrice diagonale H , che nel caso del modello 2.6 assume la forma

$$H = \begin{bmatrix} \varepsilon_S & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \varepsilon_E & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \varepsilon_I & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon_Q & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \varepsilon_R & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \varepsilon_D & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \varepsilon_P \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^{7 \times 7}$$

dove gli ε [giorni^{-1}] sono parametri positivi, detti *coupling strength*. Tali parametri misurano l’intensità della diffusione tra i vari compartimenti attraverso il network. Quando $\varepsilon \ll 1$ la diffusione è molto debole e l’evoluzione di ogni nodo può essere disaccoppiata da quella dei propri vicini (Figura 2(a)). Per valori grandi, invece, la diffusione e la reazione avvengono contemporaneamente ed è quindi necessario accoppiare le varie istanze (Figura 2(b)). Assumendo che nessun individuo segnalato come infetto dalle autorità sanitarie

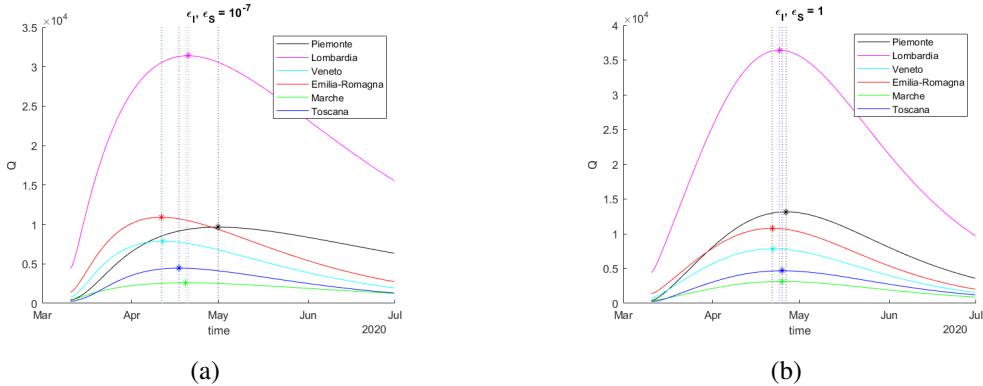


Figura 2: Evoluzione nel tempo di $Q_j(t)$, con $j = 1, \dots, 6$ per diversi valori dei parametri $\varepsilon_S, \varepsilon_I$ relativamente al sistema 2.10.

trasgredisca l’isolamento contumaciale con sorveglianza attiva previsto dal D.L. 23-02-2020 ([16]), è ragionevole supporre $\varepsilon_Q = 0$; per definizione stessa di individuo protetto, si suppone $\varepsilon_P = 0$; infine, per ovvie ragioni, si assume $\varepsilon_D = 0$. Per questione di semplicità, si assumono anche $\varepsilon_E = 0$ e $\varepsilon_R = 0$, in quanto una loro eventuale diffusione non influisce sulla propagazione del virus, in quanto i primi non risultano infettivi e i secondi vengono considerati immuni alla malattia. L’implementazione del modello SEIQRDP su rete nel nodo $j = 1, \dots, n$ viene descritta pertanto dal sistema:

$$\begin{cases} \dot{S}_j = -\beta_j I_j \frac{S_j}{N_j} - \alpha_j S_j + \omega_j P_j + \varepsilon_S \sum_{k=1}^6 L_{jk} S_k \\ \dot{E}_j = \beta_j I_j \frac{S_j}{N_j} - \lambda_j E_j \\ \dot{I}_j = \lambda_j E_j - \delta_j I_j + \varepsilon_I \sum_{k=1}^6 L_{jk} I_k \\ \dot{Q}_j = \delta_j I_j - ((\gamma_R)_j + (\gamma_D)_j) Q_j \\ \dot{R}_j = (\gamma_R)_j Q_j \\ \dot{D}_j = (\gamma_D)_j Q_j \\ \dot{P}_j = \alpha_j S_j - \omega_j P_j \end{cases} \quad (2.10)$$

dove abbiamo assunto che i valori dei vari parametri possano differire da una regione all'altra, poiché ogni regione ha le sue proprie specificità. Indicati con $A_j \in \mathbb{R}^{7 \times 7}$, Y_j , $F_j(Y_j) \forall j = 1, \dots, 6$ rispettivamente la matrice e i vettori definiti come segue

$$A_j = \begin{bmatrix} -\alpha_j & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \omega_j \\ 0 & -\lambda_j & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_j & -\delta_j & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \delta_j & -((\gamma_R)_j + (\gamma_D)_j) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (\gamma_R)_j & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (\gamma_D)_j & 0 & 0 & 0 \\ \alpha_j & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\omega_j \end{bmatrix} \quad Y_j = \begin{bmatrix} S_j \\ E_j \\ I_j \\ Q_j \\ R_j \\ D_j \\ P_j \end{bmatrix} \quad F_j(Y_j) = \begin{bmatrix} -\beta_j \frac{S_j}{N_j} I_j \\ \beta_j \frac{S_j}{N_j} I_j \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix},$$

e definite le matrici $Z \in \mathbb{R}^{7 \times n}$ e $Y \in \mathbb{R}^{7 \times n}$ come

$$Z = [A_1 Y_1 + F_1(Y_1) \quad \cdots \quad A_6 Y_6 + F_6(Y_6)] \quad Y = [Y_1 \quad \cdots \quad Y_6]$$

il sistema 2.10 si riscrive in forma compatta come segue

$$\begin{cases} \dot{Y} = Z + HYL^T \\ Y(T_0) = Y_0 \end{cases} \quad (2.11)$$

dove t_0 indica il tempo iniziale, Y_0 rappresenta il valore iniziale e per L^T si intende la trasposta della matrice L . I parametri del modello da stimare risultano essere

$$(\beta_j, \alpha_j, \omega_j, \lambda_j, \delta_j, (\gamma_R)_j, (\gamma_D)_j) \quad \forall j = 1, \dots, 6, \quad \varepsilon_S, \varepsilon_I.$$

In modo analogo, i modelli SIQRDP e SQRD su rete nel nodo $j = 1, \dots, 6$ si scrivono rispettivamente come

$$\begin{cases} \dot{S}_j = -\beta_j I_j \frac{S_j}{N_j} - \alpha_j S_j + \omega_j P_j + \varepsilon_S \sum_{k=1}^6 L_{jk} S_k \\ \dot{I}_j = \beta_j I_j \frac{S_j}{N_j} - \delta_j I_j + \varepsilon_I \sum_{k=1}^6 L_{jk} I_k \\ \dot{Q}_j = \delta_j I_j - ((\gamma_R)_j + (\gamma_D)_j) Q_j \\ \dot{R}_j = (\gamma_R)_j Q_j \\ \dot{D}_j = (\gamma_D)_j Q_j \\ \dot{P}_j = \alpha_j S_j - \omega_j P_j \end{cases} \quad (2.12)$$

$$\begin{cases} \dot{S}_j = -\beta_j Q_j \frac{S_j}{N_j} + \varepsilon_S \sum_{k=1}^6 L_{jk} S_k \\ \dot{Q}_j = \beta_j Q_j \frac{S_j}{N_j} - ((\gamma_R)_j + (\gamma_D)_j) Q_j \\ \dot{R}_j = (\gamma_R)_j Q_j \\ \dot{D}_j = (\gamma_D)_j Q_j \end{cases} \quad (2.13)$$

Gli insiemi dei parametri da stimare per i due modelli sono rispettivamente

$$(\beta_j, \alpha_j, \omega_j, \delta_j, (\gamma_R)_j, (\gamma_D)_j) \forall j = 1, \dots, 6, \quad \varepsilon_S, \varepsilon_I$$

e

$$(\beta_j, (\gamma_R)_j, (\gamma_D)_j) \forall j = 1, \dots, 6, \quad \varepsilon_S.$$

Notiamo che nel modello SQRD su rete l'unica diffusione considerata è quella inherente la popolazione dei suscettibili che pertanto rappresenta semplicemente il fatto che un individuo suscettibile che diffonde può modificare la sua probabilità di incontrare un individuo infetto e quindi di infettarsi a sua volta.

Introducendo il termine di diffusione, la numerosità della popolazione della singola regione, cambierà in ogni periodo; a conservarsi sarà la popolazione totale, i.e. $N = \sum_{j=1}^6 N_j$.

3 Risultati

3.1 Algoritmo

Il procedimento e l'algoritmo utilizzati per la stima dei parametri del modello seguono la logica descritta in [7] e [8], con la differenza che non si assumerà alcun parametro variabile nel tempo. Più semplicemente, per tenere conto della variabilità di alcuni parametri nel tempo, come il tasso di morte, dipendente anche dalla capacità di risposta del sistema sanitario ², si andrà a suddividere il periodo temporale in esame (22-03-2020/23-12-2020) in sotto-periodi all'interno dei quali si assumono tali coefficienti costanti, come visto nella sezione 2.3.

3.1.1 Fase di pre-processing

Prima di procedere con l'interpolazione, è stata effettuata una fase di preprocessing consistente nell'individuare eventuali rumori dei dati. Inizialmente si sono analizzate le variazioni giornaliere nel numero totale di guariti, dei morti e dei positivi in giorni successivi ³, provvedendo a sostituire il dato in corrispondenza di eventuali variazioni negative qualora l'errore fosse evidente: ad esempio, il 13-12-2020 la regione Marche comunicava 21100 guariti, il 14-12-2020 il numero era sceso a 20756 (344 in meno), per poi risalire a 21882 il 15-12-2020: si è dedotto quindi che il numero di guariti corretto al 14-12-2020 potesse essere di 21756.

Si è inoltre osservata la presenza di oscillazioni nel numero di test effettuati, che nel weekend risulta essere generalmente più basso rispetto ai giorni infrasettimanali, potendo

²L'efficienza del sistema sanitario è stata migliorata nel periodo in esame, 22-03-2020/23-12-2020, grazie a specifici interventi.

³La variazione di guariti, morti e totali positivi non può essere negativa: un'eventuale decremento giornaliero suggerisce un errore di trasmissione dei dati.

quindi alterare negativamente l'analisi dei dati⁴. Per questo motivo, le analisi sono state effettuate parallelamente anche su un nuovo dataset in cui il valore riportato relativo ai guariti, deceduti, casi totali e, di conseguenza, agli attuali positivi nel giorno t viene sostituito dalla media mobile semplice, uno strumento utilizzato in statistica per l'analisi delle serie storiche: essa viene calcolata utilizzando i dati che partono dai 6 giorni precedenti fino al giorno t compreso.

Per garantire maggiore stabilità nelle analisi numeriche si è individuata una fase di assestamento dei dati, corrispondente al periodo di tempo dal 24-02-2020 (primo giorno in cui si dispone di dati completi) al 22-03-2020. La figura 3 sintetizza i dati analizzati, i quali sono stati reperiti sul sito di GitHub⁵ e corrispondono ai dati dei bollettini nazionali quotidianamente pubblicati a partire dal 24-02-2020 per riassumere i dati sull'andamento della diffusione del virus sia a livello regionale che nazionale.

3.1.2 Implementazione dell'algoritmo

Una volta individuati i parametri di interesse del modello scelto, è stato implementato un algoritmo di tipo iterativo il quale, a partire da valori iniziali dati per i parametri e dal modello matematico, cerca di individuare il set di parametri che minimizza la norma dei residui, valutati come differenza tra i dati osservati e la risposta osservata, i.e. Q , R e D . In questo modo, ad ogni iterazione viene generata un'approssimazione dei parametri. Il sistema di equazioni differenziali 2.11 è stato quindi risolto localmente, discretizzando ulteriormente l'intervallo di tempo che intercorre tra due giorni successivi, tramite il metodo Runge-Kutta del quarto ordine.

3.2 Condizioni iniziali e termine diffusivo

La discretizzazione temporale di seguito descritta viene effettuata in modo tale da cogliere opportunamente le variazioni nella mobilità conseguenti ai principali Decreti Legge o DPCM emanati dal Governo italiano (un cui sunto è presente nell'appendice A) e nell'andamento epidemiologico.

3.2.1 Periodo 1 (22-03-2020/26-04-2020)

L'analisi viene condotta a partire dal 22/03/2020, data in cui il DPCM del 22-03-2020 sancisce il lockdown totale dell'Italia⁶, il quale durerà fino al 26-04-2020. Data la politica di lockdwon totale imposta e dato che, come si evince dal sito dell'AISCAT⁷ (*Associazione Italiana Società Concessionarie Autostrade e Trasporti*), vi è stata una riduzione mensile di

⁴ Ad un numero sensibilmente più basso di test può corrispondere un numero inferiore di nuovi positivi, ma una percentuale più alta del tasso di positività, dovuta al fatto che magari i tamponi effettuati non sono frutto di attività di screening, bensì richiesti da soggetti sintomatici e quindi con maggior probabilità di risultare positivi.

⁵ Il sito di riferimento è <https://github.com/pcm-dpc/COVID-19/tree/master/dati-regioni>. Ad ogni modo, i dati sono stati rielaborati tramite un codice R per trasformarli in un formato che meglio si adattava alle esigenze dell'algoritmo.

⁶ Per maggiori dettagli consultare l'appendice A.

⁷ Il link di riferimento è https://www.aiscat.it/pubblicazioni/downloads/AISCAT-mensile_04-2020.pdf. Tale link non risulta essere più attualmente disponibile. Ad ogni modo tutti i dati utilizzati sono disponibili nella nostra repository GitHub.

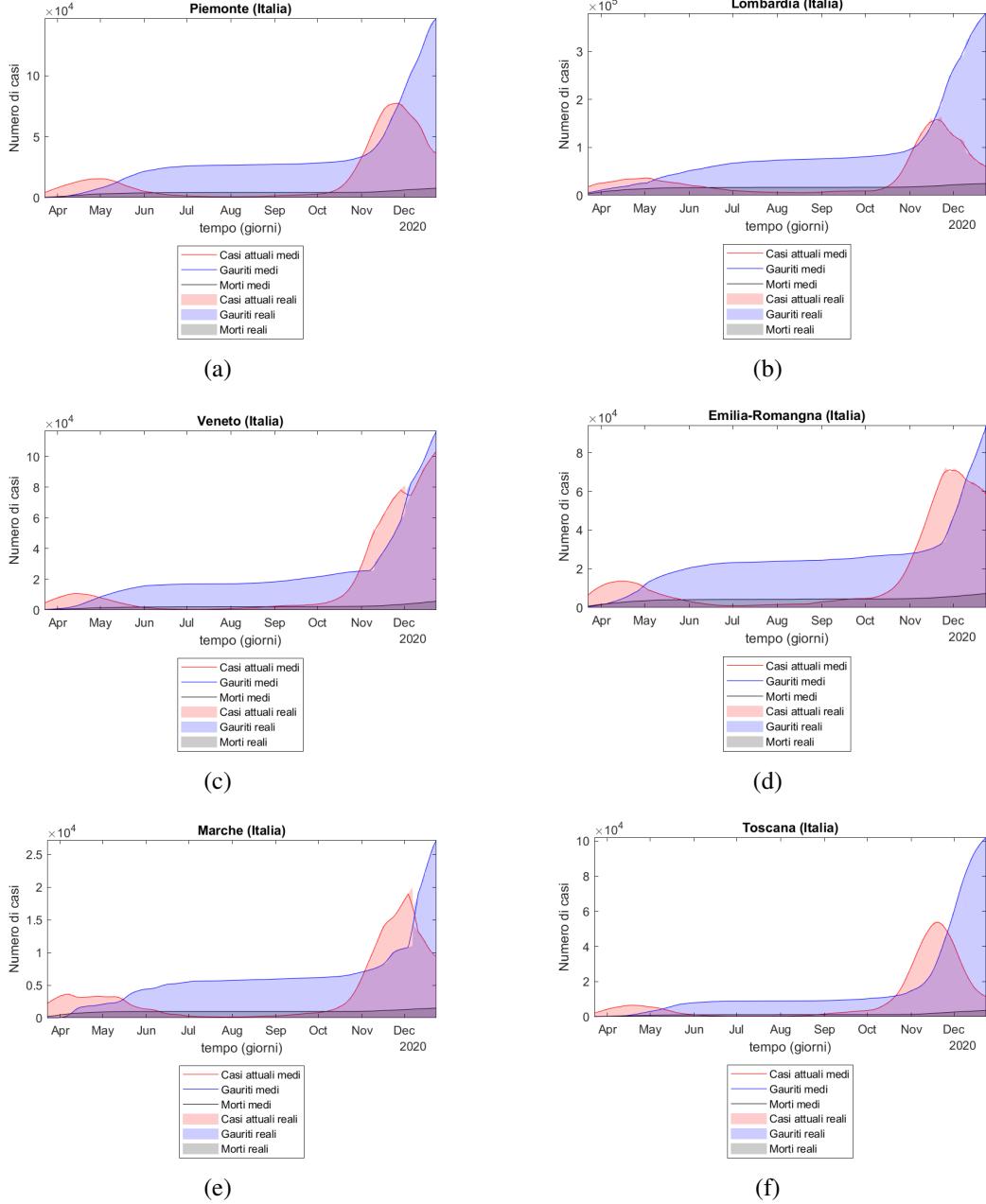


Figura 3: Sintesi dei dati nella regione Piemonte 3(a), Lombardia 3(b), Veneto 3(c), Emilia Romagna 3(d), Marche 3(e) e Toscana 3(f). In ciascuna figura, la curva rossa, la blu e la nera rappresentano rispettivamente l'andamento temporale degli attuali positivi (Q), dei guariti (R) e dei deceduti (D) valutato sul dataset calcolato tramite la media mobile. Invece, le aree colorate in rosso, blu e nero rappresentano rispettivamente le aree sottese dalle curve che rappresentano l'andamento temporale degli attuali positivi (Q), dei guariti (R) e dei deceduti (D) valutato sul dataset relativo ai dati reali.

circa l'87.6% rispetto al mese di aprile del 2019, variazione molto maggiore se paragonata a quella degli altri mesi in esame, si assumerà che il flusso di individui tra le regioni sia trascurabile e quindi non si assumerà alcun contributo diffusivo.

In tale periodo, si assumeranno come condizioni iniziali per risolvere i sistemi di ODE definiti in 2.10, 2.12 e 2.13 tramite Runge-Kutta del 4° ordine i valori:

$$Q_j(T_0) = (Q_0)_j \quad R_j(T_0) = (R_0)_j \quad D_j(T_0) = (D_0)_j$$

$$E_j(T_0) = (Q_0)_j \quad I_j(t_0) = 0.2(Q_0)_j \quad P_j(T_0) = 0$$

$$(S_0)_j = N_j - (E_0)_j - (I_0)_j - (Q_0)_j - (R_0)_j - (D_0)_j - (P_0)_j \quad \forall j = 1, \dots, 6,$$

dove T_0 indica il primo giorno del periodo, i.e. 22-03-2020, e $\forall j = 1, \dots, 6$:

- $(Q_0)_j, (R_0)_j$ e $(D_0)_j$ sono stati reperiti dai bollettini nazionali;
- la scelta per $E_j(t_0), I_j(t_0)$ ⁸ e $P_j(t_0)$ segue quanto fatto in [9];
- definite le condizioni precedenti, si ottiene naturalmente la condizione iniziale $(S_0)_j = N_j - (E_0)_j - (I_0)_j - (Q_0)_j - (R_0)_j - (D_0)_j - (P_0)_j$, dove N_j indica la numerosità della popolazione j -esima⁹.

Per quanto riguarda la scelta dell'valore iniziale per i parametri che intervengono nei tre modelli, ovvero $\beta_j, \alpha_j, \omega_j, \lambda_j, \delta_j, (\gamma_R)_j, (\gamma_D)_j \forall j = 1, \dots, 6$, essi sono stati definiti in modo univoco per i 3 modelli. In particolare:

- è stato scelto un valore iniziale identico per le 6 regioni per β, λ, δ , che corrisponde a quello utilizzato anche in [9], quindi $\beta = 1, \lambda = 1/5$ (che corrisponde a un periodo di incubazione di 5 giorni [13]), $\delta = 0.5$;
- per la scelta dei valori iniziali relativi ai parametri α e ω si è operato un *tuning*¹⁰; i valori di α e di ω sono assunti variabili da regione a regione;
- il valore iniziale del tasso di guarigione viene definito come l'inverso di durata della fase sintomatica, ovvero viene assunto per ogni regione pari a $\gamma_R = \frac{1}{11}$, come si evince in [13];
- il valore iniziale del tasso di morte $(\gamma_D)_j$ è stato valutato come rapporto medio giornaliero del numero di deceduti sul numero degli infetti all'interno della j -esima regione.

Nella tabella 1, si riportano a titolo di esempio i valori relativi ad α e ω per il modello SEIQRDP e quelli del tasso di morte relativi ai dati reali, per ciascuna regione. Per maggiori informazioni sulle altre assunzioni, consultare il nostro sito [GitHub](#).

⁸Le assunzioni su $(E_0)_j$ e $(I_0)_j$ sono state fatte al fine di semplificare il problema, ma è bene precisare che, essendo in genere complicato attribuire dei valori iniziali a tali categorie, andrebbero anch'essi trattati come parametri incogniti da stimare.

⁹I valori relativi a $N_j \forall j = 1, \dots, 6$ sono stati presi dal [sito](#) dell'ISTAT.

¹⁰Si è scelto, tra alcune possibili combinazioni di parametri in $(0, 1] \times (0, 1]$ definito in [9], quella che minimizzava la norma dei residui al quadrato relativamente alla singola regione. L'intervallo di variabilità dei parametri, ovvero $(0, 1]$ è stato definito seguendo quanto fatto in [9]. Il tuning è stato effettuato separatamente per l'analisi dei dati reali e dei dati in media mobile.

Tabella 1: Valori iniziali per α e ω relativi alle sei regioni del modello SEIQRDP e per il tasso di morte valutato sui dati reali.

	Piemonte	Lombardia	Veneto	Emilia-Romagna	Marche	Toscana
α	0.1	0.5	0.2	0.1	1	0.1
ω	0.2	0.4	0.2	0.3	0.7	0.1
γ_D	0.0022	0.0037	0.0011	0.0034	0.0021	0.0008

3.2.2 Periodo 2 (27-04-2020/11-06-2020)

In questo periodo, la mobilità regionale e interregionale è stata gradualmente ripristinata (la diminuzione del flusso rispetto l'anno 2019 è passata da circa il 90% a solo il 65%), motivo per cui si è iniziato a considerare nel modello anche il termine diffusivo. Ciò rende necessario attribuire un valore all'entrate (i, j) della matrice L , definite come il flusso pro-capite giornaliero diretto da j a i . Tale flusso è stato stimato utilizzando i dati relativi al tratto autostradale in questione, reperiti sul sito dell'AISCAT ¹¹.

Per quanto riguarda le condizioni iniziali relative al periodo in esame:

- per i parametri ε_S ed ε_I è stato fatto del tuning per ciascuno dei modelli oggetto dell'analisi¹²;
- per gli altri parametri e per le categorie di individui coinvolte si procede per continuità settando come valori iniziali i valori finali ricavati mediante il fitting e le simulazioni del modello in questione effettuate al periodo precedente, come definito in 2.3. Tale condizioni verranno imposte anche in tutti i periodi successivi.

3.2.3 Periodi successivi sino al 24-12-2020

Periodo 3 (12-06-2020/06-08-2020). In questo periodo la mobilità ha subito una riduzione di solo il 15%¹³ rispetto l'anno precedente e il numero di attuali positivi, in ogni regione, si è stabilizzato e ha raggiunto i numeri minimi rispetto l'intero periodo di analisi.

Periodo 4 (07-08-2020/30-09-2020). La mobilità nazionale ha ripreso i suoi ritmi regolari (-6% circa ¹⁴). Inoltre, nel mese di agosto si assistette a un progressivo aumento del numero dei passeggeri dei voli internazionali¹⁵ e un contemporaneo

¹¹https://www.aiscat.it/pubblicazioni/downloads/trim_1-2_2019.pdf.

¹²Il numero di combinazioni provate è stato fortemente limitato dalle potenzialità del computer utilizzato per le analisi. I risultati del tuning sono reperibili nella nostra repository [GitHub](#).

¹³https://2021.aiscat.it/wp-content/uploads/2021/01/NEW_AISCAT-mensile-LUGLIO-2020.pdf.

¹⁴<https://www.stradeanas.it/sites/default/files/Edizione%20speciale%20Osservatorio%20Dati%20consolidati%20Agosto%202020.pdf> e <https://www.stradeanas.it/sites/default/files/SMI4%20-%20Sintesi%20Osservatorio%20Settembre%202020.pdf>.

¹⁵La variazione rispetto all'anno 2019 è calata dal -97.4% nel mese di giugno a -76.5% nel mese di agosto (https://assaeroporti.com/statistiche_202008/).

aumento del numero di contagi in paesi esteri come Malta¹⁶ che spinse il governo a redigere il Comunicato n° 246¹⁷ in cui si richiedeva tampone obbligatorio per chi arriva da Croazia, Grecia, Malta e Spagna. Inoltre, il turismo nazionale era in netto aumento rispetto ai mesi precedenti¹⁸ e, nonostante l'invito al distanziamento sociale, numerose furono le segnalazioni di irregolarità verificatesi in luoghi di ritrovamento sociale che spinse il governo a richiedere le discoteche e a obbligare all'uso della mascherina tra le 18:00 e le 06:00 sull'intero territorio nazionale con l'Ordinanza del 16 agosto 2020¹⁹.

Periodo 5 (01-10-2020/03-11-2020). Nelle regioni italiane in esame, la curva dei contagi riprende a salire e la mobilità torna a ridursi²⁰.

Periodo 6 (04-11-2020/14-11-2020). In questo arco temporale, in cui vi è la suddivisione dell'Italia in zone rosse, arancioni e gialle, descritta nella tabella 3, stabilita dal DPCM del 03-11-2020 (vedi Appendice A). Gli spostamenti da e verso zone rosse o arancioni erano possibili rispetto al primo periodo (descritto nella sezione 3.2.1), ma limitati rispetto gli spostamenti da zona gialla a zona gialla. Si stima che una differenza di circa il 30% della mobilità a riguardo²¹.

Periodo 7 (15-11-2020/05-12-2020). Toscana, Marche e Emilia-Romagna escono dalla zona gialla.

Periodo 8 (06-12-2020/24-12-2020). Emilia-Romagna e Marche rientrano in zona gialla²². Inoltre, come si evince dal sito dell'ANAS²³, si considera una variazione del +10% rispetto al mese precedente a causa dei rientri dei fuorisede.

3.3 Simulazioni numeriche

Considerando il grafo presente in figura 1 e settando all'inizio di ogni periodo in esame le condizioni iniziali definite nella sezione precedente, sono state effettuate simulazioni numeriche per i modelli su rete 2.10, 2.12 e 2.13 utilizzando i dati reali e in media mobile mostrati in Figura 3.

¹⁶ https://www.google.com/search?q=covid+malta&rlz=1C1VDKB_itIT930IT930&sxsrf=ALeKkO1I2sr1ygldChq8nc9-8Vp9z2SL6Q:1614422604989&source=lnms&sa=X&ved=0ahUKEwijtIzv8InvAhXEyqQKHTJHBBQQ_AUIDigA&biw=1536&bih=754&dpr=1.25

¹⁷ http://www.salute.gov.it/portale/news/p3_2_4_1_1.jsp?lingua=italiano&menu=salastampa&p=null&id=5632

¹⁸ https://www.istat.it/it/files/2020/12/REPORT_TURISMO_2020.pdf.

¹⁹ <https://www.gazzettaufficiale.it/eli/id/2020/08/17/20A04564/sg>.

²⁰ Si è registrato un calo del 15% della mobilità nazionale rispetto l'anno 2019 come si evince dal sito dell'ANAS <https://www.stradeanas.it/sites/default/files/SMI4%20-%20Sintesi%20sservatorio%20ttobre%202020.pdf>.

²¹ Maggiori dettagli possono essere trovati all'interno del codice utilizzato per le simulazioni, disponibile su [GitHub](#).

²² Osserviamo che, a eccezione della Toscana, tutte le regioni vengono considerate zone gialle, anche se in una fase iniziale di tale periodo il Piemonte e la Lombardia risulterebbero ancora essere in zona arancione, come mostrato in 3. La scelta è stata dettata dal fatto che, data la numerosità dei parametri da stimare, volendo suddividere l'arco temporale in modo da assecondare ogni cambiamento, il rischio di overfitting sarebbe stato molto elevato.

²³ <https://www.stradeanas.it/sites/default/files/SMI4%20-%20Sintesi%20sservatorio%20Dicembre%202020.pdf>.

In Figura 4 è riportato l'andamento dell'errore

$$\sum_{t=1}^{T_i} \sum_{j=1}^N ((Q_j(t) - \hat{Q}_j(t))^2 + (R_j(t) - \hat{R}_j(t))^2 + (D_j(t) - \hat{D}_j(t))^2), \quad (3.1)$$

al variare del periodo i . In 3.1, T_i indica l'ampiezza temporale del periodo i e il simbolo $\hat{\cdot}$ indica il valore fittato.

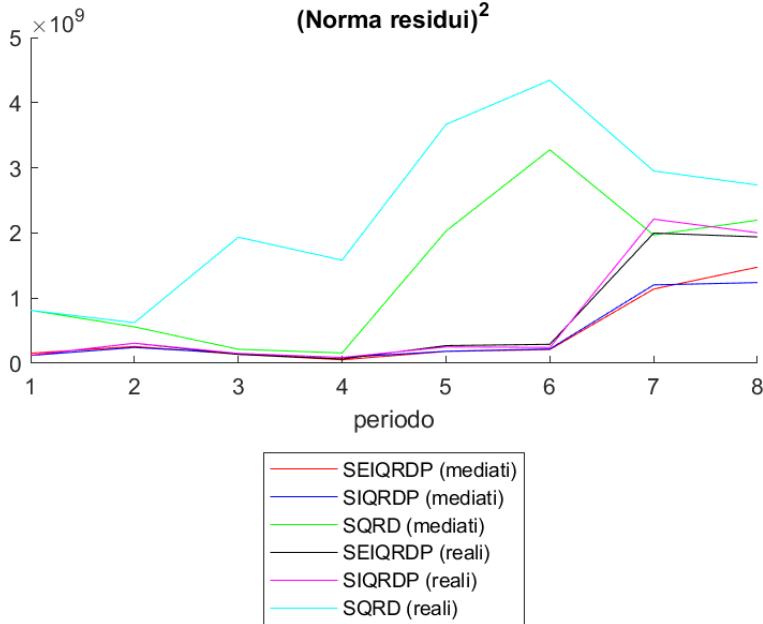


Figura 4: Andamento dell'errore 3.1 al variare del periodo in esame per i modelli 2.10, 2.12 e 2.13 costruiti a partire dai dati reali e in media mobile.

Dalla Figura 4 è possibile osservare che l'errore è maggiore negli ultimi periodi, probabile conseguenza del fatto che, per ragioni di continuità, le condizioni iniziali in ogni periodo corrispondono alla situazione terminale del periodo precedente, e quindi l'errore cumulato fino al periodo $i-1$ si ripercuote sul fitting del periodo i . Osservando, ad esempio, la Figura 5 che mostra l'andamento temporale degli attuali positivi, guariti e deceduti in Piemonte rispettivamente, si può notare come in corrispondenza dei raccordi effettuati si cumuli molto errore. Per ovviare al problema si potrebbe pensare di raffinare la discretizzazione in tempo, ma bisogna tener conto anche del rischio di overfitting.

Le simulazioni relative alle altre regioni sono tutte disponibili nella nostra repository [GitHub](#).

Per quantificare meglio l'errore commesso, si può osservare ad esempio che relativamente alla regione Piemonte e al periodo 5 (01-10-2020 / 03-11-2020), considerando i dati in media mobile, i residui medi ottenuti sugli attuali positivi (Q), i.e.

$$\sum_{t=1}^{T_5} |Q_1(t) - \hat{Q}_1(t)|$$

sono ≈ 411 per il metodo SEIQRDP, ≈ 425 per il SIQRDP e ≈ 1718 per il metodo SQRD e che

$$\min_{t=1,\dots,T_5} \{Q(t)\} = 2982 \quad \text{mean}_{t=1,\dots,T_5} \{Q(t)\} \approx 13172 \quad \max_{t=1,\dots,T_5} \{Q(t)\} = 36855.$$

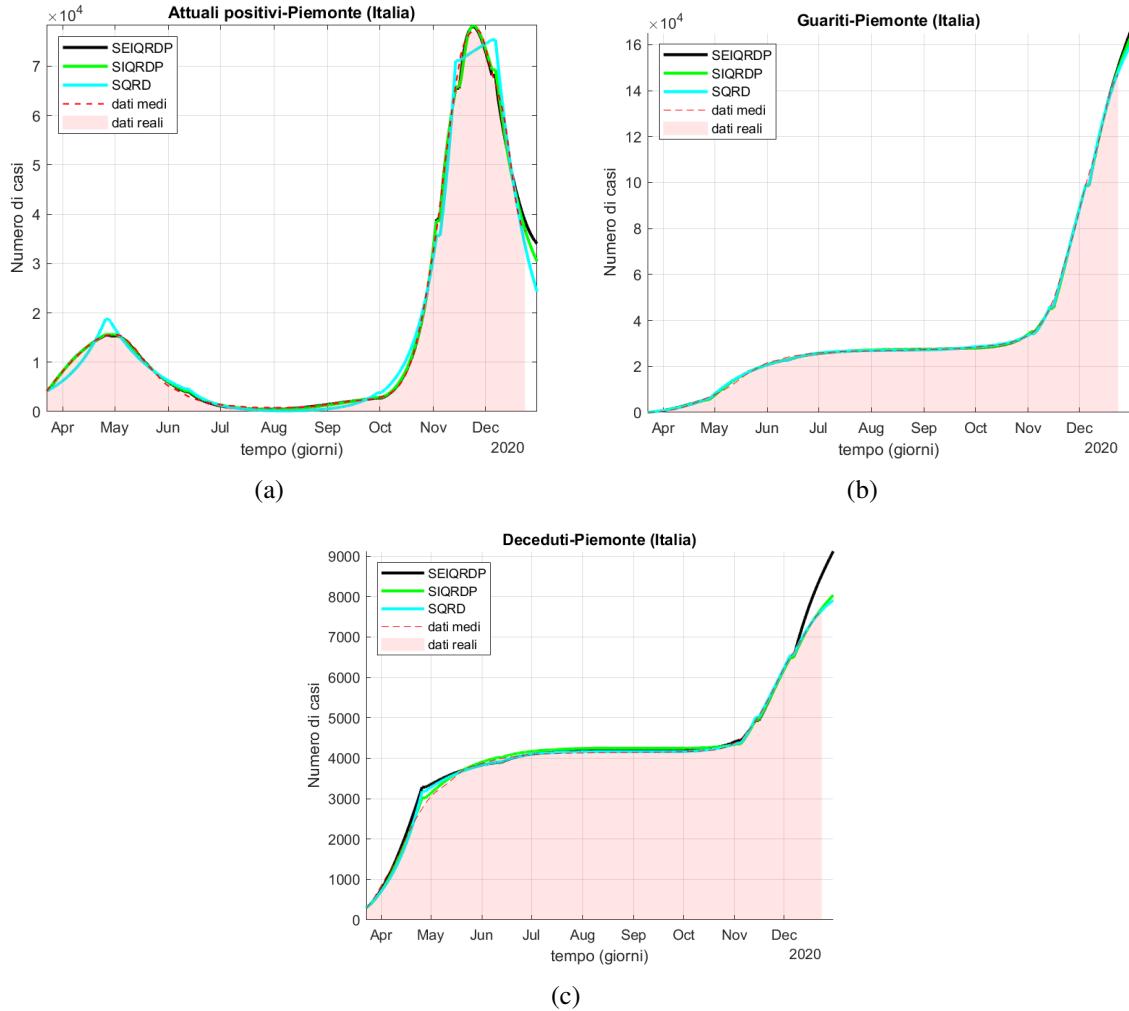


Figura 5: Andamento temporale degli attuali positivi (Q,[5\(a\)](#)), del totale dei guariti (R,[5\(b\)](#)) e del totale deceduti (D,[5\(c\)](#)) in Piemonte . La linea nera rappresenta la curva simulata tramite modello SEIQRDP, quella verde tramite SIQRDP e quella azzurra tramite SQRD. La linea rossa tratteggiata rappresenta l’andamento dei valori in media mobile degli attuali positivi (Q,[5\(a\)](#)), del totale dei guariti (R,[5\(b\)](#)) e del totale deceduti (D,[5\(c\)](#)) e l’area colorata in rosso rappresenta l’area sottesa dalla curva che mostra l’andamento reale degli attuali positivi (Q,[5\(a\)](#)), del totale dei guariti (R,[5\(b\)](#)) e del totale deceduti (D,[5\(c\)](#)).

3.3.1 Coupling strength e topologia del network

E' interessante osservare come utilizzare i modelli costruiti per convalidare e creare strategie volte a minimizzare i picchi degli attuali positivi.

Supponiamo di essere al periodo 5 che precede i periodi in cui è stata effettuata la suddivisione in aree gialle, rosse e arancioni. Vogliamo valutare l'effetto dell'introduzione di diverse limitazioni sulla mobilità interregionale sull'andamento della pandemia nel periodo successivo, supposto che tutte le altre NPI rimangano invariate. A tale scopo, consideriamo il modello SEIQRDP (con dati in media mobile), i cui parametri sono mostrati nella Tabella 2.

Tabella 2: Parametri relativi al modello SEIQRDP (con dati in media mobile) e al periodo 5 (01-10-2020/03-11-2020).

Regione	β	λ	δ	γ_R	γ_D	α	ω
Piemonte	0.5695	0.7630	0.4809	0.0171	0.0006	0.2989	0.6277
Lombardia	0.5446	0.5324	0.2309	0.0208	0.0008	0.3406	0.6529
Veneto	0.4688	0.9999	0.7617	0.0154	0.0009	0.7743	0.1692
Emilia-Romagna	0.4147	0.3391	0.0390	0.0087	0.0006	0.2824	0.9290
Marche	0.3669	0.3323	0.0433	0.0142	0.0000	0.6433	0.2546
Toscana	0.4718	0.3287	0.0615	0.0150	0.0005	0.5240	0.3318

Testiamo le 2^{14} possibili topologie che si possono creare considerando il set dei 14 lati diretti che descrivono il grafo mostrato in figura 1, per diversi valori di $\varepsilon = \varepsilon_S = \varepsilon_I \in [0.01, 1]$. Per ogni topologia e per ogni valore di ε considerati, simuliamo l'andamento dell'epidemia nel periodo 6, utilizzando i parametri del periodo precedente. I risultati sono mostrati nelle figure 6 e 7. I risultati mostrano la presenza di topologie il cui valore medio giornaliero stimato per la categoria Q è inferiore a quello relativo alla topologia vuota, che corrisponde alla topologia in cui nessun individuo può migrare da una regione all'altra. Ciò che si evince dai risultati è che a flussi in ingresso nelle regioni che nel periodo 6 sono state dichiarate aree rosse (Piemonte e Lombardia) a partire da altre regioni, e principalmente, dall'Emilia-Romagna corrispondono a situazioni in cui il numero medio giornaliero della categoria Q risulta superiore rispetto quello previsto dalla topologia vuota. La politica attuata nel periodo 6 (rappresentata dalla topologia mostrata in figura 7(d)), prevedeva correttamente, pertanto, una diminuzione dei flussi verso le regioni Piemonte e Lombardia, ma tale diminuzione non risulta sufficiente per minimizzare il numero medio giornaliero per la categoria Q .

4 Conclusioni

L'implementazione su grafo di modelli epidemiologici risulta essere un potente strumento per modellare l'andamento della pandemia nelle diverse regioni e la sua diffusione tra le stesse, ma anche per la gestione e il contenimento della pandemia, soprattutto in termine di decisioni legate all'apertura e chiusura dei confini. Per rendere i modelli presentati più sofisticati si potrebbe pensare di costruire una struttura a grafo random internamente a ciascuna regione, in modo tale da rappresentare in modo più realistico la probabilità di contatto tra individui appartenenti alla stessa, assunta fino ad ora uniforme.

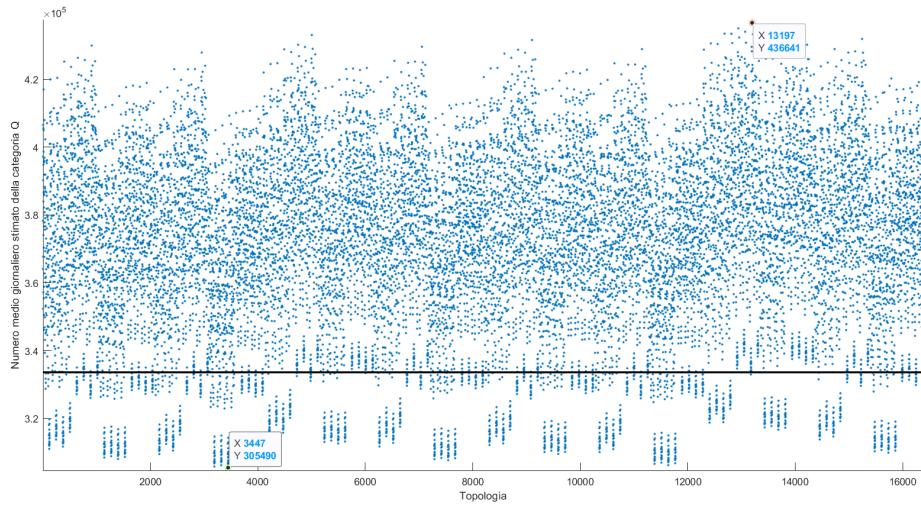


Figura 6: Numero medio degli infetti in quarantena giornaliero delle 2^{14} topologie generate per $\varepsilon = 1$. La linea nera rappresenta il livello relativo alla topologia vuota. I punti rossi e verdi rappresentano le topologie che minimizzano e massimizzano il numero medio di infetti Q giornaliero rispettivamente.

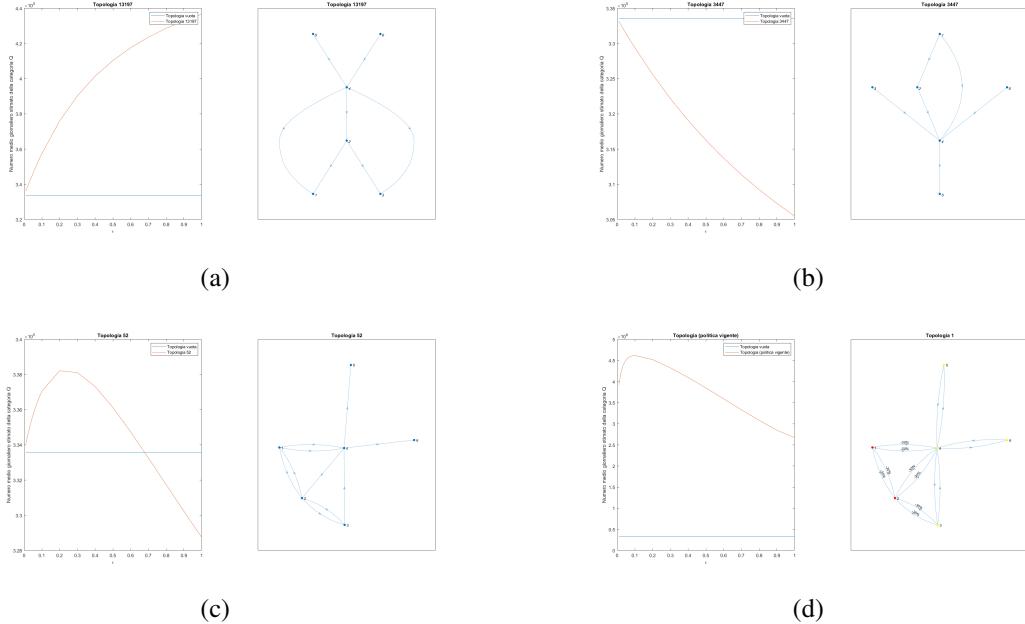


Figura 7: Numero medio giornaliero per la categoria Q al variare di ε relativamente alla topologia che massimizza tale valore per $\varepsilon = 1$ 7(a) e che lo minimizza 7(b). Nella figura 7(c) viene mostrato un esempio di topologia il cui livello di infezione supera quello relativo alla topologia vuota solo per valori bassi di coupling strength. Nella figura 7(d) viene mostrato l’andamento del numero medio giornaliero per la categoria Q al variare di ε relativo alla topologia che corrisponde alla realizzazione della politica vigente nel periodo 6.

Elenco delle tabelle

1	Valori iniziali per α e ω relativi alle sei regioni del modello SEIQRDP e per il tasso di morte valutato sui dati reali.	15
2	Parametri relativi al modello SEIQRDP (con dati in media mobile) e al periodo 5 (01-10-2020/03-11-2020).	19
3	Assegnazione del livello di gravità alle 6 regioni di interesse con le varie ordinanze.	27

Elenco delle figure

1	Nella figura viene mostrato il grafo indiretto avente come nodi le regioni considerate, nell'ordine Piemonte, Lombardia, Veneto, Emilia-Romagna, Marche e Toscana, e come lati i principali tratti autostradali che connettono tali regioni, ovvero A4 Torino-Milano, A4 Brescia-Padova, A1 Milano-Bologna, A1 Bologna-Firenze, A21 Torino-Piacenza, A13 Bologna-Padova e A14 Bologna-Ancona.	8
2	Evoluzione nel tempo di $Q_j(t)$, con $j = 1, \dots, 6$ per diversi valori dei parametri $\varepsilon_S, \varepsilon_I$ relativamente al sistema 2.10.	9
3	Sintesi dei dati nella regione Piemonte 3(a), Lombardia 3(b), Veneto 3(c), Emilia Romagna 3(d), Marche 3(e) e Toscana 3(f). In ciascuna figura, la curva rossa, la blu e la nera rappresentano rispettivamente l'andamento temporale degli attuali positivi (Q), dei guariti (R) e dei deceduti (D) valutato sul dataset calcolato tramite la media mobile. Invece, le aree colorate in rosso, blu e nero rappresentano rispettivamente le aree sottese dalle curve che rappresentano l'andamento temporale degli attuali positivi (Q), dei guariti (R) e dei deceduti (D) valutato sul dataset relativo ai dati reali.	13
4	Andamento dell'errore 3.1 al variare del periodo in esame per i modelli 2.10, 2.12 e 2.13 costruiti a partire dai dati reali e in media mobile.	17
5	Andamento temporale degli attuali positivi (Q,5(a)), del totale dei guariti (R,5(b)) e del totale deceduti (D,5(c)) in Piemonte . La linea nera rappresenta la curva simulata tramite modello SEIQRDP, quella verde tramite SIQRDP e quella azzurra tramite SQRD. La linea rossa tratteggiata rappresenta l'andamento dei valori in media mobile degli attuali positivi (Q,5(a)), del totale dei guariti (R,5(b)) e del totale deceduti (D,5(c)) e l'area colorata in rosso rappresenta l'area sottesa dalla curva che mostra l'andamento reale degli attuali positivi (Q,5(a)), del totale dei guariti (R,5(b)) e del totale deceduti (D,5(c)).	18
6	Numero medio degli infetti in quarantena giornaliero delle 2^{14} topologie generate per $\varepsilon = 1$. La linea nera rappresenta il livello relativo alla topologie vuota. I punti rossi e verdi rappresentano le topologie che minimizzano e massimizzano il numero medio di infetti Q giornaliero rispettivamente.	20

7	Numero medio giornaliero per la categoria Q al variare di ε relativamente alla topologia che massimizza tale valore per $\varepsilon = 1$ 7(a) e che lo minimizza 7(b). Nella figura 7(c) viene mostrato un esempio di topologia il cui livello di infezione supera quello relativo alla topologia vuota solo per valori bassi di coupling strength. Nella figura 7(d) viene mostrato l’andamento del numero medio giornaliero per la categoria Q al variare di ε relativo alla topologia che corrisponde alla realizzazione della politica vigente nel periodo 6.	20
8	Sintesi delle principali misure adottate nelle varie aree a seconda della gravità. L’iconografica è disponibile al seguente link.	26

Riferimenti bibliografici

- [1] F. Bustamante-Casta, J. G. Caputo, G. Cruz-Pacheco, A. Knippel and F. Mouatamide, *Epidemic model on a network: analysis and applications to COVID-19*, 1-20, (2020).
- [2] C.J.Silva^a, G. Cantin^b, C. Cruz^a, R. Fonseca-Pinto^c, R. Passadouro da Fonseca^{c,d}, E. Soares dos Santos^d, D.F.M. Torres^a *Complex network model for COVID-19: human behaviour, pseudo-periodic solutions and multiple epidemic waves*, ^a Center for Research and Development in Mathematics and Applications (CIDMA), Department of Mathematics, University of Aveiro, 3810-193 Aveiro, Portugal; ^bLaboratoire de Mathématiques Appliquées, FR-CNRS-3395, 25, Rue Philippe Lebon, Le Havre Normandie 76063, France; ^cCenter for Innovative Care and Health Technology (ci-TechCare), Polytechnic of Leiria, Portugal; ^dACES Pinhal Litoral - Central Regional Health Administration (ARS Centro), Portugal.
- [3] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, *A contribution to the mathematical theory of epidemics*, Proc. Royal Soc. London, 115, 700-721, (1927).
- [4] J.D.Murray, *Mathematical Biology I: An Introduction*, Third Edition, Springer, (2002).
- [5] J.D.Murray, *Mathematical Biology*, vol 2, Springer Berlin, (2003).
- [6] D. Brockmann and D. Heilbling, *The Hidden geometry of complex, Network-driven contagion Phenomena*, Science 13 Dec 2013, DOI: 10.1126/science.1245200.
- [7] A. Godio, F. Pace and A. Vergnano, *SEIR modeling of the Italian Epidemic of SARS-CoV-2 Using Computational Swarm Intelligence*, International Journal of Environmental Research and Public Health, 18 may 2020.
- [8] L. Peng, W. Yang, D. Zhang and C. Zhuge *Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling* <https://arxiv.org/abs/2002.06563>
- [9] E. Cheynet, *Generalized SEIR Epidemic Model (Fitting and Computation)*. Available online: <https://it.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/74545-generalized-seir-epidemic-modelfitting-and-computation> (accessed on 29 April 2020).
- [10] <https://www.canada.ca/en/public-health/services/diseases/2019-novel-coronavirus-infection/latest-travel-health-advice.html>
- [11] <https://www.istat.it/it/archivio/251214>
- [12] <https://www.epicentro.iss.it/infettive/>
- [13] <https://www.humanitas.it/news/27211-covid-19-quali-sono-i-tempi-di-incubazione>
- [14] <http://www.salute.gov.it/portale/nuovocoronavirus/dettaglioFaqNuovoCoronavirus.jsp?id=228&lingua=italiano>

- [15] J. M. Dan, J. Mateus, Y. Kato, K. M. Hastie, E. D. Yu, C. E. Faliti, A. Grifoni, S. I. Ramirez, S. Haupt, A. Frazier, C. Nakao, V. Rayaprolu, S. A. Rawlings, B. Peters, F. Krammer, V. Simon, E. Ollmann Saphire, D. M. Smith, D. Weiskopf, A. Sette, S. Crotty, *Immunological memory to SARS-CoV-2 assessed for up to eight months after infection*, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.1.15.383323v2>
- [16] <https://www.gazzettaufficiale.it/eli/gu/2020/02/23/45/sg/pdf>
- [17] Hal L. Smith and Horst R. Thieme. *Dynamical systems and population persistence*, volume 118. American Mathematical Soc., 2011.

A Scenario legislativo

Di seguito è presente un sunto dei decreti più importanti emanati per contrastare la diffusione del Covid 19, il cui testo integrale è reperibile al [link](#).

1. **DECRETO LEGGE 23-02-2020 n° 6:** sospensione delle manifestazioni o iniziative di qualsiasi natura; chiusura delle scuole di ogni ordine e grado, nonché della frequenza delle attività scolastiche, compresa quella universitaria, salvo le attività formative svolte a distanza; chiusura di ogni istituto e luogo culturale; chiusura di tutte le attività commerciali, esclusi gli esercizi commerciali per l'acquisto dei beni di prima necessità;

25-02-2020: In tutti i comuni delle Regioni Emilia Romagna, Friuli Venezia Giulia, Lombardia, Veneto, Liguria e Piemonte sono sospesi gli eventi e le competizioni sportive di ogni ordine e disciplina, in luoghi pubblici o privati. Resta consentito lo svolgimento dei predetti eventi e competizioni, nonché delle sedute di allenamento, all'interno di impianti sportivi utilizzati a porte chiuse;

08-03-2020 Allo scopo di contrastare e contenere il diffondersi del virus COVID-19 nella regione Lombardia e nelle province di Modena, Parma, Piacenza, Reggio nell'Emilia, Rimini, Pesaro e Urbino, Alessandria, Asti, Novara, Verbano-Cusio-Ossola, Vercelli, Padova, Treviso e Venezia viene adottata l'ulteriore misura: evitare ogni spostamento delle persone fisiche in entrata e in uscita dai territori di cui al presente articolo, nonché all'interno dei medesimi territori, salvo che per gli spostamenti motivati da comprovate esigenze lavorative o situazioni di necessita' ovvero spostamenti per motivi di salute. E' consentito il rientro presso il proprio domicilio, abitazione o residenza;

11-03-2020 Sono sospese le attività dei servizi di ristorazione (fra cui bar, pub, ristoranti, gelaterie, pasticcerie), ad esclusione delle mense e del catering continuativo su base contrattuale, che garantiscono la distanza di sicurezza interpersonale di un metro. Sono sospese le attività inerenti i servizi alla persona (fra cui parrucchieri, barbieri, estetisti);

2. **DECRETO DEL PRESIDENTE DEL CONSIGLIO DEI MINISTRI 22-03-2020 - Ulteriori disposizioni attuative del decreto-legge 23-02-2020, n. 6:** È fatto divieto a tutte le persone fisiche di trasferirsi o spostarsi, con mezzi di trasporto pubblici o privati, in un comune diverso rispetto a quello in cui attualmente si

trovano, salvo che per comprovate esigenze lavorative, di assoluta urgenza ovvero per motivi di salute; conseguentemente all'articolo 1, comma 1, lettera a), del decreto del Presidente del Consiglio dei ministri 8 marzo 2020 le parole «*È consentito il rientro presso il proprio domicilio, abitazione o residenza*» sono sopprese;

25-03-2020 Limitazione della circolazione delle persone, anche prevedendo limitazioni alla possibilità di allontanarsi dalla propria residenza, domicilio o dimora se non per spostamenti individuali limitati nel tempo e nello spazio o motivati da esigenze lavorative, da situazioni di necessità o urgenza, da motivi di salute o da altre specifiche ragioni; limitazioni o divieto di allontanamento e di ingresso in territori comunali, provinciali o regionali, nonché rispetto al territorio nazionale;

01-04-2020 Obbligo di accedere ai servizi pubblici essenziali, nonché agli esercizi commerciali per l'acquisto di beni di prima necessita' indossando dispositivi di protezione individuale o adottando particolari misure di cautela individuate dal dipartimento di prevenzione dell'azienda sanitaria competente per territorio;

26-04-2020 Sono consentiti solo gli spostamenti motivati da comprovate esigenze lavorative o situazioni di necessita' ovvero per motivi di salute e si considerano necessari gli spostamenti per incontrare congiunti purché venga rispettato il divieto di assembramento e il distanziamento interpersonale di almeno un metro e vengano utilizzate protezioni delle vie respiratorie; in ogni caso, e' fatto divieto a tutte le persone fisiche di trasferirsi o spostarsi, con mezzi di trasporto pubblici o privati, in una regione diversa rispetto a quella in cui attualmente si trovano, salvo che per comprovate esigenze lavorative, di assoluta urgenza ovvero per motivi di salute; e' in ogni caso consentito il rientro presso il proprio domicilio, abitazione o residenza;

3. **DECRETO-LEGGE 16-05-2020, n. 33:** A decorrere dal 18 maggio 2020, cessano di avere effetto tutte le misure limitative della circolazione all'interno del territorio regionale, solo con riferimento a specifiche aree del territorio medesimo interessate da particolare aggravamento della situazione epidemiologica. Fino al 2 giugno 2020 sono vietati gli spostamenti, con mezzi di trasporto pubblici e privati, in una regione diversa rispetto a quella in cui attualmente ci si trova, salvo che per comprovate esigenze lavorative, di assoluta urgenza ovvero per motivi di salute; resta in ogni caso consentito il rientro presso il proprio domicilio, abitazione o residenza. A decorrere dal 3 giugno 2020, gli spostamenti interregionali possono essere limitati solo con provvedimenti adottati ai sensi dell'articolo 2 del decreto-legge n. 19 del 2020, in relazione a specifiche aree del territorio nazionale, secondo principi di adeguatezza e proporzionalità al rischio epidemiologico effettivamente presente in dette aree. Fino al 2 giugno 2020, sono vietati gli spostamenti da e per l'estero, con mezzi di trasporto pubblici e privati, salvo che per comprovate esigenze lavorative, di assoluta urgenza ovvero per motivi di salute o negli ulteriori casi individuati con provvedimenti adottati ai sensi dell'articolo 2 del decreto-legge n. 19 del 2020; A partire dal 11-06-2020 furono poi riaperte, nel rispetto del distanziamento sociale, tutte le principali attività.

4. **DECRETO DEL PRESIDENTE DEL CONSIGLIO DEI MINISTRI 24-10-2020** Ai fini del contenimento della diffusione del virus COVID-19, è fatto obbligo sull'intero territorio nazionale di avere sempre con sè dispositivi di protezione delle

vie respiratorie, nonché obbligo di indossarli nei luoghi al chiuso diversi dalle abitazioni private e in tutti i luoghi all’aperto a eccezione dei casi in cui, per le caratteristiche dei luoghi o per le circostanze di fatto, sia garantita in modo continuativo la condizione di isolamento rispetto a persone non conviventi, e comunque con salvezza dei protocolli e delle linee guida anti-contagio previsti per le attività economiche, produttive, amministrative e sociali, nonché delle linee guida per il consumo di cibi e bevande, e con esclusione dei predetti obblighi: a) per i soggetti che stanno svolgendo attività sportiva; b) per i bambini di età inferiore ai sei anni; c) per i soggetti con patologie o disabilità incompatibili con l’uso della mascherina, nonché per coloro che per interagire con i predetti versino nella stessa incompatibilità. È fortemente raccomandato l’uso dei dispositivi di protezione delle vie respiratorie anche all’interno delle abitazioni private in presenza di persone non conviventi. È fortemente raccomandato a tutte le persone fisiche di non spostarsi, con mezzi di trasporto pubblici o privati, salvo che per esigenze lavorative, di studio, per motivi di salute, per situazioni di necessità o per svolgere attività o usufruire di servizi non sospesi. sono sospese le attività dei parchi tematici e di divertimento; sono sospesi gli eventi e le competizioni sportive degli sport individuali e di squadra, svolti in ogni luogo, sia pubblico sia privato; restano consentiti soltanto gli eventi e le competizioni sportive, riconosciuti di interesse nazionale, nei settori professionalistici e dilettantistici; sono sospese le attività di palestre, piscine, centri natatori, centri benessere, centri termali; sono sospese le attività di sale giochi, sale scommesse, sale bingo e casinò; sono sospesi gli spettacoli aperti al pubblico in sale teatrali, sale da concerto, sale cinematografiche e in altri spazi anche all’aperto.

- 5. DECRETO DEL PRESIDENTE DEL CONSIGLIO DEI MINISTRI 03-11-2020** Suddivisione dell’Italia in 3 zone (rosse, gialle e arancioni) caratterizzate da diversi livelli di gravità le cui misure, all’interno di ogni zona, sono riassunte nella figura 8. L’assegnazione di un livello di gravità piuttosto che un altro a una regione

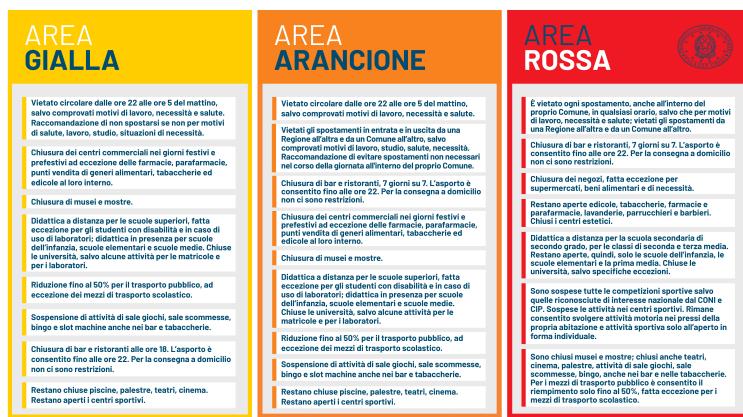


Figura 8: Sintesi delle principali misure adottate nelle varie aree a seconda della gravità. L’iconografica è disponibile al seguente [link](#).

piuttosto viene effettuata sulla base di 21 indicatori da leggere insieme al documento Iss di *Prevenzione e risposta a COVID-19* e stabilita da ordinanze successive reperibili al [link](#), riassunte nella tabella 3.

Tabella 3: Assegnazione del livello di gravità alle 6 regioni di interesse con le varie ordinanze.

Data ordinanza / inizio ordinanza	Piemonte	Lombardia	Veneto	Emilia-Romagna	Marche	Toscana
04-11-2020 / 06-11-2020	Red	Red	Yellow	Yellow	Yellow	Yellow
10-11-2020 / 11-11-2020	Red	Red	Yellow	Yellow	Yellow	Orange
13-11-2020 / 15-11-2020	Red	Red	Yellow	Orange	Orange	Red
27-11-2020 / 29-11-2020	Orange	Orange	Yellow	Orange	Orange	Red
05-12-2020 / 06-12-2020	Orange	Orange	Yellow	Yellow	Yellow	Orange
11-12-2020 / 13-12-2020	Yellow	Yellow	Yellow	Yellow	Yellow	Orange

6. **DECRETO LEGGE 18-12-2020** Nei giorni festivi e prefestivi compresi tra il 24 dicembre 2020 e il 6 gennaio 2021 sull'intero territorio nazionale si applicano le misure di cui all'articolo 3 del decreto del Presidente del Consiglio dei ministri 3 dicembre 2020 (ovvero zona rossa); nei giorni 28, 29, 30 dicembre 2020 e 4 gennaio 2021 si applicano le misure di cui all'articolo 2 del medesimo decreto del Presidente del Consiglio dei ministri 3 dicembre 2020 (ovvero zona gialla).