



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DELL'AQUILA

DIPARTIMENTO DI INGEGNERIA E SCIENZE DELL'INFORMAZIONE E
MATEMATICA

CORSO DI LAUREA IN MATEMATICA

Tesi di Laurea

**MODELLISTICA NUMERICA
CON RITARDO PER
L'EPIDEMIOLOGIA**

Relatore

Prof. Raffaele D'Ambrosio

Laureando

Giorgio De Simone

Anno Accademico 2019-2020

© 2021 Giorgio De Simone

*Non andartene docile in quella buona notte,
I vecchi dovrebbero bruciare e delirare al serrarsi del giorno;
Infuria, infuria, contro il morire della luce.*

Dylan Thomas

Indice

| | |
|--|-----------|
| Introduzione | 1 |
| 1 Equazioni differenziali con ritardo | 3 |
| 1.1 DDEs versus ODEs: alcuni esempi | 4 |
| 1.2 Regolarità delle soluzioni | 12 |
| 1.2.1 Discontinuità primarie e secondarie | 13 |
| 1.2.2 Ritardi temporali che svaniscono | 15 |
| 1.2.3 Ritardi temporali limitati e non | 16 |
| 1.2.4 Ritardi multipli | 20 |
| 1.2.5 Ritardi dipendenti dallo stato | 22 |
| 1.2.6 Propagazione delle discontinuità in sistemi | 22 |
| 1.3 Esistenza e unicità delle soluzioni | 25 |
| 2 Modellistica numerica con ritardo | 28 |
| 2.1 Soluzione numerica delle DDEs: oltre la teoria delle ODE | 28 |
| 2.2 Un metodo per le DDEs: regola del punto medio | 30 |
| 2.3 Alcune anomalie di stabilità | 32 |
| 3 Modellistica con ritardo per il COVID-19 | 36 |
| 3.1 Scenario pandemico in Italia | 37 |
| 3.2 Modello SI ₂ R ₂ | 41 |
| 3.3 Risultati numerici | 45 |
| 3.4 Affidabilità del modello | 48 |
| 3.4.1 Rilevamento del picco dei casi attivi confermati | 48 |
| 3.4.2 Stima del tasso di attacco effettivo | 49 |
| 3.4.3 Conseguenze del Lockdown | 52 |
| 3.4.4 Anticipare il Lockdown | 55 |
| 3.4.5 Introduzione di test rapidi per lo screening | 57 |
| Conclusioni | 59 |

INDICE

ii

Bibliografia

61

Introduzione

Ogni bambino è affascinato dalla *Magia*. Tutti noi siamo stati bambini. Di conseguenza un barlume di quel sentimento d’attrazione alberga in ogni adulto, seppur in modo latente.

Crescendo, tuttavia, ci si ripete e ci si sente ripetere, quasi per inerzia, che la *Magia* non esiste e che molte delle cose in cui si *credeva* da fanciulli sono irrealizzabili o tutt’al più le si possono trovare nelle pagine ingiallite di qualche romanzo: «L’uomo non può volare!»; «Non si può prevedere il futuro, tutti gli oracoli sono ormai stati smascherati!»; «Non si può viaggiare nel tempo!»; «Non si possono raggiungere pianeti e mondi lontani!»...

Eppure c’è e c’è sempre stata la *Scienza*, pronta a smentire ogni volta tutte le negazioni che alcuni uomini affermano con cieca certezza, pronta a costruire ponti tra il mondo del possibile e il mondo dell’impossibile, del *magico* appunto.

Eppure c’è e c’è sempre stata la *Scienza*, con la sua *Magia Mathematica*, pronta a combattere con l’uomo e per l’uomo la maggior parte delle avversità che il genere umano ha dovuto affrontare nel corso della sua storia plurimillenaria.

Oggi, *hic et nunc*, l’umanità si trova ad affrontare la più grande avversità globale del ventunesimo secolo, chiamata COVID-19, la malattia infettiva respiratoria causata dal virus denominato SARS-CoV2, che sta mietendo milioni di vittime nel mondo.

Come l’umanità sta lottando contro questo invisibile nemico? Con quali mezzi? Ad un nemico invisibile il genere umano risponde proprio con la *Scienza*, l’arma più potente di cui dispone, un’arma intangibile, un’arma intellettuale, l’unica in grado di scrutare ciò che gli uomini non riescono a vedere direttamente con i propri occhi, quindi un’arma *magica*.

Ora, è opportuno sottolineare che quando si parla di *Scienza*, spesso non si può che parlare anche di *Matematica*; d’altra parte il termine greco μάθημα (*máthema*), traducibile proprio con i termini “scienza”, “conoscenza”, costituisce il morfema della parola stessa *Matematica*.

Pertanto il fine principale di questa tesi è di evidenziare alcuni dei numerosi contributi scientifici che la *Matematica* ha apportato e può apportare alla lotta al COVID-19, una lotta ormai quotidiana e senza quartiere. In particolare si vuole porre in risalto l'importanza cruciale della “*previsione degli eventi*” che si può raggiungere elaborando precisi modelli matematici, in maniera tale da poter giocare d'anticipo e prevedere anzitempo le “*mosse*” del nemico, leggendo anche le “*tracce nascoste*” che questi si è lasciato *inconsapevolmente* alle spalle.

Dopo aver sviluppato quindi il formalismo necessario all'utilizzo di alcuni strumenti e concetti matematici, analizzeremo come questi possano costituire le solide fondamenta di un'analisi rigorosa di quella che ormai è stata “*la prima ondata*” con cui, a partire dalla fine di Febbraio 2020, il virus SARS-CoV2 ha travolto e dilaniato la nostra cara nazione.

Forniamo nel seguito, per concludere, una breve descrizione della struttura concettuale con cui la seguente tesi si sviluppa.

Nel Capitolo 1 vengono introdotte le cosiddette *equazioni differenziali con ritardo*, o DDEs, focalizzando l'attenzione su alcune delle più importanti differenze qualitative con le *equazioni differenziali ordinarie*, anche dette ODEs, di cui le DDEs rappresentano appunto una naturale generalizzazione. Si affronta, inoltre, la problematica riguardante la regolarità delle soluzioni analizzando come le discontinuità, causate da differenti tipologie di ritardi, si propagano lungo le soluzioni stesse e l'impatto che tale mancanza di regolarità ha su diversi metodi numerici. Infine, senza pretese di esaustività, si riportano alcuni risultati di esistenza e unicità delle soluzioni per le più generali classi di equazioni con ritardo.

Nel Capitolo 2 si discute sostanzialmente su come le principali differenze fra equazioni differenziali con ritardo e equazioni differenziali ordinarie, messe in evidenza nel primo capitolo, si riflettono sul loro utilizzo numerico e sulla rispettiva modellistica numerica, con un accenno a qualche anomalia di stabilità con cui alcuni metodi numerici più conosciuti hanno a che fare.

Il conclusivo Capitolo 3 vede l'impiego degli strumenti matematici acquisiti nei primi due capitoli attraverso l'analisi dell'articolo “*The hidden side of COVID-19 spread in Italy*” di Luigi Brugnano, Felice Iavernaro e Paolo Zanzottera, articolo che riguarda proprio la pandemia SARS-CoV2 (COVID-19) a cui si è fatto accenno sopra e che, a partire dalla fine di Febbraio 2020, ha cominciato a diffondersi lungo la penisola Italiana. In particolare è fornito un nuovo modello matematico per descrivere la pandemia, e ne si verifica l'affidabilità utilizzando i dati riguardanti la prima ondata del virus che ha flagellato la nostra nazione.

Capitolo 1

Equazioni differenziali con ritardo

Nelle scienze applicate la modellizzazione matematica dei fenomeni da analizzare ricopre un ruolo fondamentale per lo studio e qualitativo e quantitativo dei fenomeni stessi; essa garantisce essenzialmente *capacità di previsione*, con innumerevoli vantaggi che il lettore può ben immaginare. Un modello che si è rivelato molto efficiente in discipline come fisica, ingegneria, biologia, medicina e economia etc. è il cosiddetto *problema ai valori iniziali* (IVP), o *problema di Cauchy*, per equazioni differenziali ordinarie (ODEs) del tipo

$$\begin{cases} y'(t) = g(t, y(t)) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t_0) = y_0, \end{cases} \quad (1.0.1)$$

dove la funzione $y(t)$, chiamata variabile di stato, rappresenta una qualche quantità fisica che evolve nel tempo.

L'IVP modellizza abbastanza bene, almeno in via teorica, proprio la reale problematica di studio che gli scienziati, seppur nei differenti e rispettivi ambiti, devono fronteggiare: a partire da un istante iniziale t_0 e il corrispondente dato iniziale y_0 del fenomeno, la cui evoluzione temporale $y(t)$, $t > 0$ è sconosciuta, essi osservano e misurano le *variazioni* che nel tempo il fenomeno manifesta, variazioni matematicamente descritte dalla $g(t, y(t))$ e che, infatti, rappresenta il membro destro della derivata $y'(t)$; successivamente essi devono ricostruire il fenomeno, ricostruzione che nel modello matematico avviene mediante l'applicazione di svariate tecniche di integrazione di cui la letteratura che tratta le ODEs è stracolma.

Tuttavia, per rendere il modello ancor più coerente con il reale fenomeno, è talvolta necessario modificare il membro destro di (1.0.1) includendo anche la dipendenza della derivata y' da valori che la variabile di stato y ha assunto in passato, dipendenza che, per esempio, potrebbe schematizzare, in ambito epidemiologico, la presenza di un periodo di incubazione di un certo virus.

La forma più generale di tali modelli è data dalla *equazione differenziale con ritardo*

$$y'(t) = f(t, y_t) \quad \text{per } t \geq t_0,$$

dove $y_t = y(t + \vartheta)$, $\vartheta \in [-r, 0]$ è una funzione appartenente allo spazio di Banach $C = C^0([-r, 0], \mathbb{R}^d)$ delle funzioni continue che mappano l'intervallo $[-r, 0]$ in \mathbb{R}^d , e $f: \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$ è una funzione nota dall'insieme $\Omega \subset \mathbb{R} \times C$ in \mathbb{R}^d .

In questo contesto $y'(t)$ rappresenta la derivata destra $y'(t)^+$, e il problema ai valori iniziali è

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y_t) & \text{per } t \geq t_0 \\ y_{t_0} = y(t_0 + \vartheta) = \varphi(\vartheta), \end{cases} \quad (1.0.2)$$

dove $\varphi(\vartheta) \in C$ rappresenta il *dato iniziale*.

L'equazione (1.0.2) è anche chiamata *equazione differenziale di Volterra*, essa include le *equazioni differenziali con ritardo distribuito*, dove f dipende da y calcolata su un insieme dei valori passati continuo e possibilmente non limitato ($r = +\infty$), e sia *equazioni differenziali con ritardo discreto*, dove solo un numero finito di valori passati della variabile di stato y sono coinvolti. Sebbene le ultime costituiscano un caso particolare delle prime, esse sono adatte alla descrizione di un'ampia classe di fenomeni afferenti a molti rami della matematica applicata e, per questo, il nostro interesse sarà confinato al loro ambito. Durante tutta la trattazione ci riferiremo ad esse come *equazioni differenziali con ritardo* (DDEs) o *equazioni differenziali alle differenze*.

1.1 DDEs versus ODEs: alcuni esempi

Nel corso della nostra trattazione, il problema ai valori iniziali sarà espresso nella seguente e più comune forma

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t - \tau_1), \dots, y(t - \tau_n)) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0. \end{cases} \quad (1.1.1)$$

Concordemente alla complessità del fenomeno, i *ritardi* τ_i che supporremo sempre non negativi, potrebbero essere costanti (casistica del *ritardo costante*) o funzioni di t , $\tau_i = \tau(t)$ (casistica del *ritardo dipendente dal tempo*), o perfino funzioni di t e y stesso, $\tau_i = \tau_i(t, y(t))$ (casistica del *ritardo dipendente dallo stato*). Per semplificare la notazione è naturale definire la funzione $\varphi(t)$ in $[\varrho, t_0]$ dove

$$\varrho = \min_{1 \leq i \leq n} \left\{ \min_{t \geq t_0} (t - \tau_i) \right\}$$

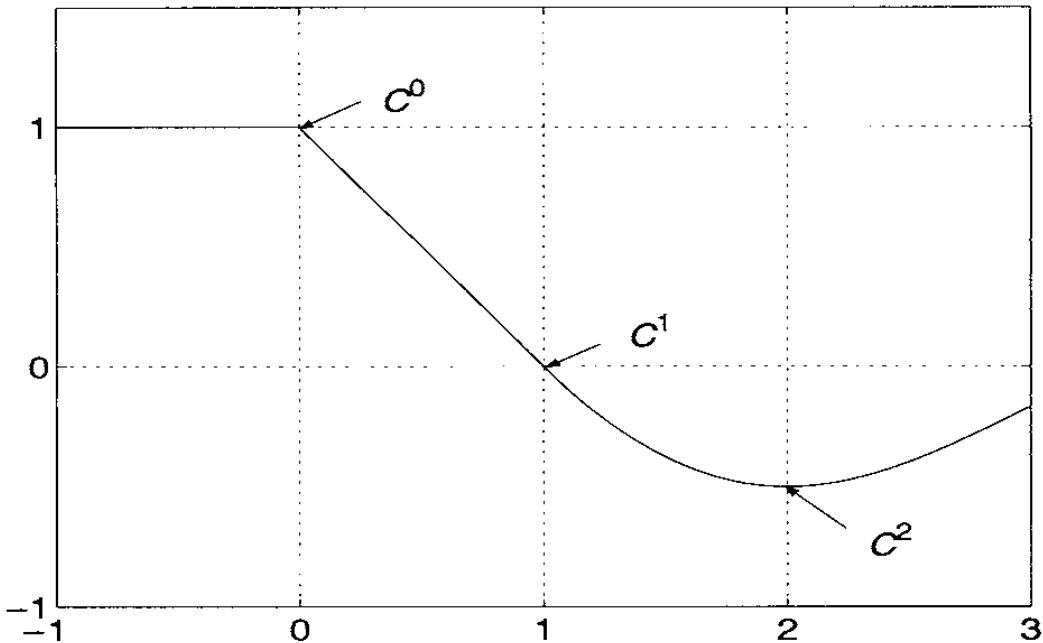


Figura 1.1: Soluzione di (1.1.3).

In particolare, nel caso del *ritardo dipendente dallo stato*, la limitazione ϱ non può essere definita a priori.

Un’interessante situazione, peraltro molto comune, è quando $n = 2$ e $\tau_1 \equiv 0$ in cui (1.1.1) assume la forma

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t), y(t - \tau)) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0. \end{cases} \quad (1.1.2)$$

Poiché per qualche $t \geq t_0$ può verificarsi che $t - \tau < t_0$, una prima differenza che intercorre fra le equazioni (1.0.1) e (1.1.2) consiste nel fatto che la soluzione dell’ultima è generalmente determinata da una *funzione iniziale* $\varphi(t)$ piuttosto che da un semplice valore iniziale y_0 , come invece accade nella prima. In generale la derivata destra $y'(t_0)^+$, che è $f(t_0, \varphi(t_0), \varphi(t_0 - \tau))$, non è uguale alla derivata sinistra $\varphi'(t_0)^-$ e quindi la soluzione y non si collega regolarmente alla funzione iniziale $\varphi(t)$ nel punto t_0 , dove possiamo assumere soltanto una C^0 -continuità. Per giunta, un tale salto di discontinuità per la derivata si propaga (vedi Paragrafo 1.2) dal punto iniziale t_0 lungo l’intervallo d’integrazione e dà luogo ad ulteriori punti di discontinuità dove la soluzione diviene sempre più regolare. Come conseguenza, anche se le funzioni $f(t, y, x)$, $\tau(t, y)$ e $\varphi(t)$ in (1.1.2) sono C^∞ -continue, in generale la soluzione $y(t)$ è semplicemente C^1 -continua in $[t_0, t_f]$.

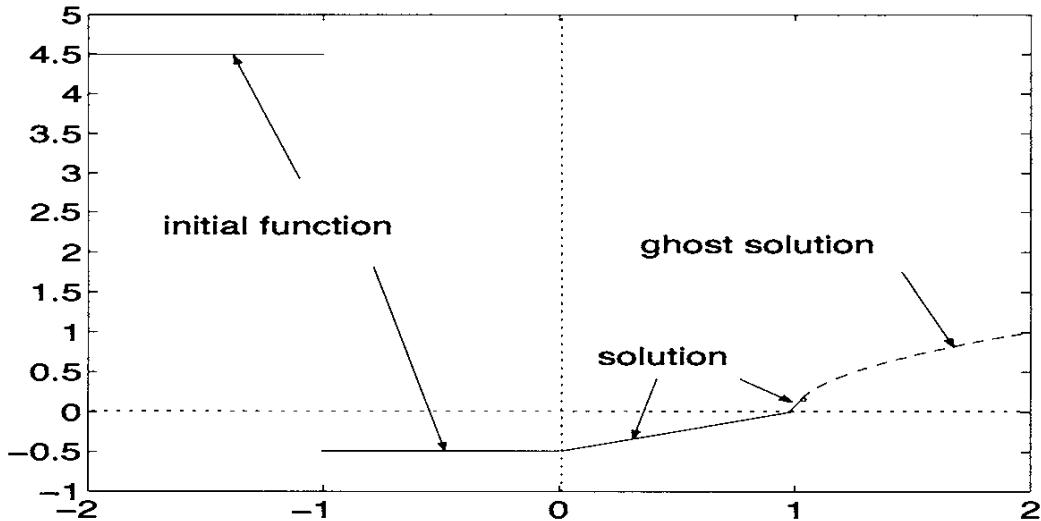


Figura 1.2: Soluzione (linea continua) e soluzione fantasma (linea tratteggiata) di (1.1.6).

Esempio 1.1.1.

Consideriamo l'equazione

$$\begin{cases} y'(t) = -y(t-1) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = 1 & \text{per } t \leq t_0 \end{cases} \quad (1.1.3)$$

la cui soluzione è rappresentata in Figura 1.1 . Poiché $y'(0)^- = 0$ e $y'(0)^+ = -y(-1) = -1$, la funzione derivata $y'(t)$ ha un salto in $t = 0$. La derivata seconda $y''(t)$ è data da

$$y''(t) = -y'(t-1)$$

e perciò essa ha un salto in $t = 1$. La derivata terza $y'''(t)$ è data da

$$y'''(t) = -y''(t-1) = y'(t-2)$$

e quindi essa ha un salto in $t = 2$, e così via per $t = 3, 4, \dots$

La presenza di una funzione iniziale nel problema (1.1.2) ha altre varie e inaspettate conseguenze sulle soluzioni. Alcune di esse sono illustrate nei seguenti esempi.

Esempio 1.1.2.

A differenza delle equazioni ordinarie, non c'è più iniettività fra l'insieme dei dati iniziali e l'insieme delle soluzioni $y(t)$, $t \geq t_0$. Infatti se consideriamo l'equazione

$$y'(t) = y(t-1)(y(t) - 1) \quad \text{per } t \geq 0,$$

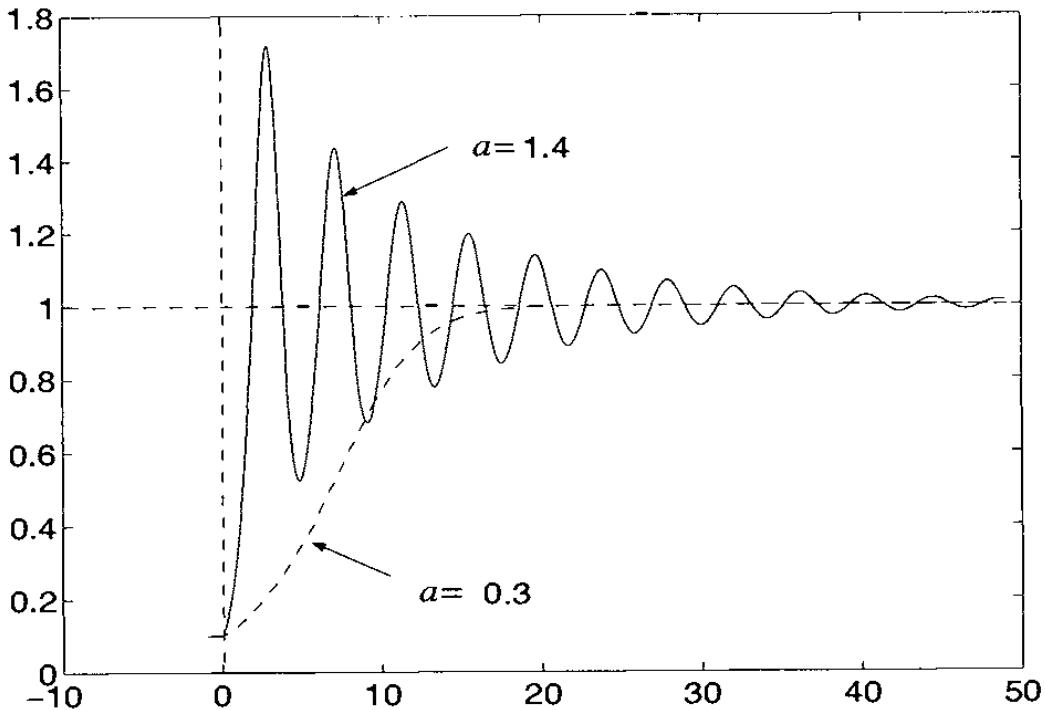


Figura 1.3: Soluzioni di (1.1.9) con $y(t) = 0.1$, $t \leq 0$, per $\alpha = 1.4$ e 0.3 .

essa ha soluzione costante $y(t) = 1$ in $[0, +\infty)$ per ogni funzione iniziale $\varphi(t)$ definita in $[-1, 0]$ tale che $\varphi(0) = 1$.

Il prossimo esempio mostra che nel caso di ritardo dipendente dallo stato, la mancanza di regolarità della funzione iniziale $\varphi(t)$ può causare una perdita di unicità per la soluzione di (1.1.2) oppure la sua terminazione dopo qualche intervallo limitato.

Esempio 1.1.3.

Come esempio di non unicità consideriamo l'equazione

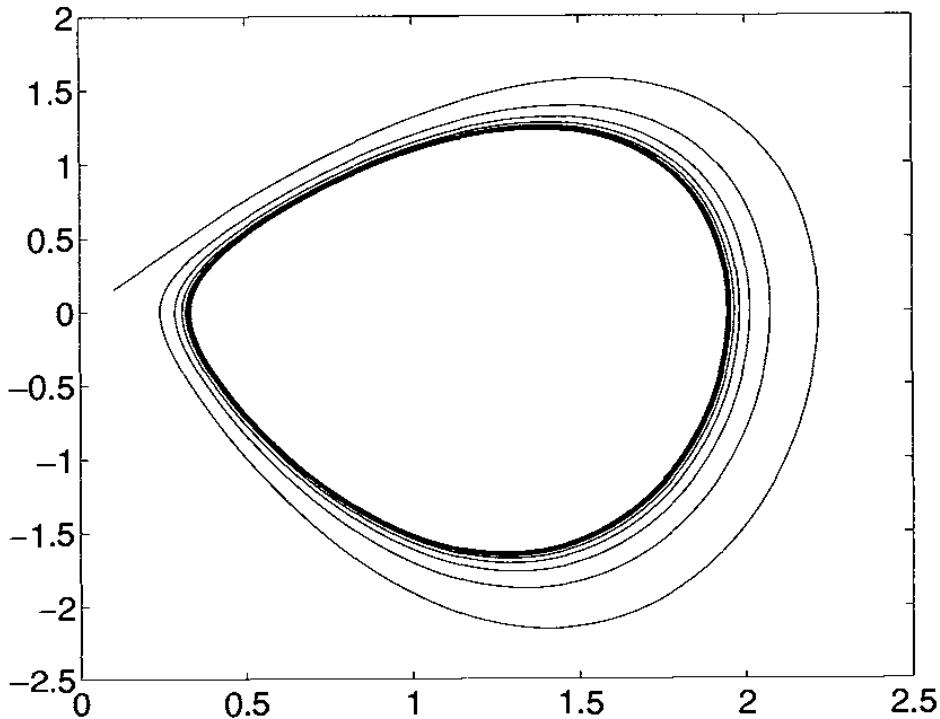
$$\begin{cases} y'(t) = y(t - |y(t)| - 1) + \frac{1}{2} & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq 0 \end{cases} \quad (1.1.4)$$

dove

$$\varphi(t) = \begin{cases} 1 & \text{per } t < -1 \\ 0 & \text{per } -1 \leq t \leq 0. \end{cases} \quad (1.1.5)$$

È facile verificare che in $[0, 2]$ entrambe le funzioni

$$y(t) = \frac{3}{2}t$$

Figura 1.4: Soluzione di (1.1.9) per $a = 1.7$ nel piano delle fasi.

e

$$y(t) = \frac{1}{2}t$$

sono soluzioni di (1.1.4).

Esempio 1.1.4.

Come esempio riguardante la terminazione della soluzione consideriamo l'equazione

$$\begin{cases} y'(t) = -y(t - 2 - y(t)^2) + 5 & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq 0 \end{cases} \quad (1.1.6)$$

dove

$$\varphi(t) = \begin{cases} \frac{9}{2} & \text{per } t < -1 \\ -\frac{1}{2} & \text{per } -1 \leq t \leq 0. \end{cases} \quad (1.1.7)$$

La soluzione in $[0, \frac{125}{121}]$ è data da

$$y(t) = \begin{cases} \frac{1}{2}(t - 1) & \text{per } 0 \leq t \leq 1 \\ \frac{11}{2}(t - 1) & \text{per } 1 \leq t \leq \frac{125}{121}. \end{cases} \quad (1.1.8)$$

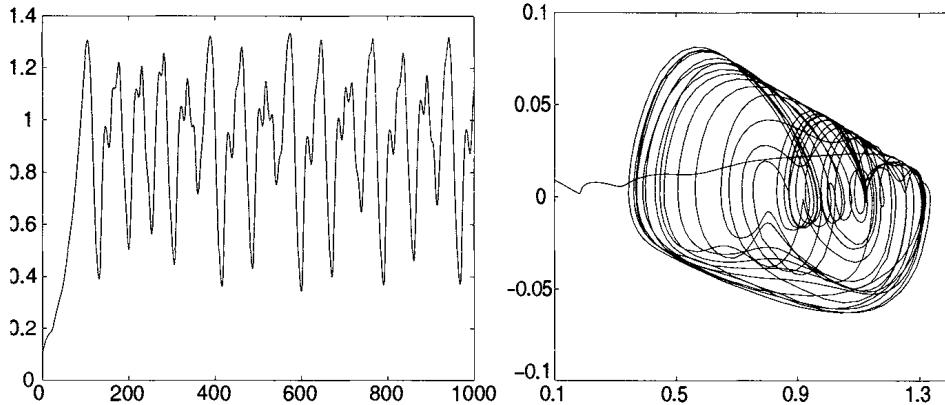


Figura 1.5: Soluzioni dell'equazione (1.1.10) per $t \leq 1000$ nel piano (t, y) (sinistra) e nel piano delle fasi (destra).

Non è difficile vedere che la soluzione non può continuare oltre il punto $t = \frac{125}{121}$. In effetti, in $t = \frac{125}{121}$ l'argomento ritardato $t - 2 - y(t)^2$ è uguale a -1 e perciò, in un intorno destro di tale punto $y(t - 2 - y(t)^2)$ è dato da uno dei due valori di $\varphi(t)$. Pertanto le soluzioni di (1.1.6) dovrebbero prendere la forma

$$y(t) = c \left(t - \frac{125}{111} \right) + \frac{2}{11}$$

con

$$c = \frac{1}{2} \quad \text{se } t - 2 - y(t)^2 < -1$$

e

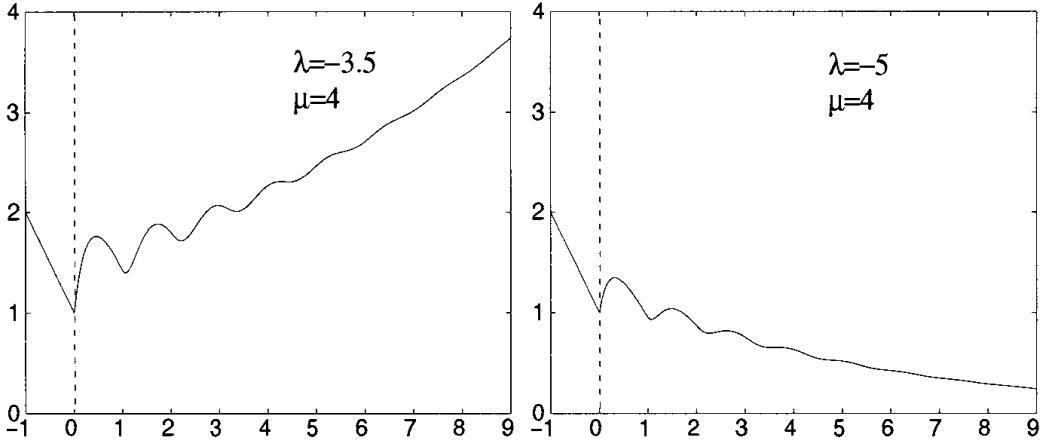
$$c = \frac{1}{2} \quad \text{se } t - 2 - y(t)^2 \geq -1.$$

Ora, ogni scelta di c ci conduce a una soluzione $y(t)$ che contraddice la supposizione fatta su $t - 2 - y(t)^2$ e quindi la soluzione non esiste per $t > \frac{125}{121}$. È importante rimarcare che, da un punto di vista numerico, la terminazione di una soluzione è un problema davvero delicato. In effetti, esso potrebbe presentarsi con un comportamento sorprendente e fuorviante durante l'implementazione di un metodo numerico. Per esempio, in un intorno destro del punto di terminazione $t_N = \frac{125}{121}$, dove $y_N \approx \frac{2}{11}$, il *metodo di Eulero progressivo* si legge

$$y_{n+1} = y_n + h_{n+1} \left(-\frac{9}{2} + 5 \right) \quad \text{se } t_n - 2 - y_n^2 < -1$$

e

$$y_{n+1} = y_n + h_{n+1} \left(\frac{1}{2} + 5 \right) \quad \text{se } t_n - 2 - y_n^2 \geq -1$$

Figura 1.6: soluzione stabile e instabile di (1.1.11) per $\lambda < 0$.

ed esso, per nessun valido motivo, smette di integrare per un qualsiasi $n \geq N$. La risultante approssimazione è graficata in Figura 1.2 dove, per $t \geq \frac{125}{121}$ appare una *soluzione fantasma* che approssima la funzione $\sqrt{t-1}$. Una tale funzione non è affatto una soluzione di (1.1.6) ma soddisfa l'equazione $t-2-y(t)^2=-1$. In effetti, la soluzione numerica è obbligata a prendere valori y_n tali che gli argomenti ritardati $t_n-2-y_n^2$ oscillano attorno al valore di equilibrio -1 .

Esempio 1.1.5.

Consideriamo la seguente equazione detta del *ritardo logistico*

$$y'(t) = ay(t)(1 - y(t-1)) \quad (1.1.9)$$

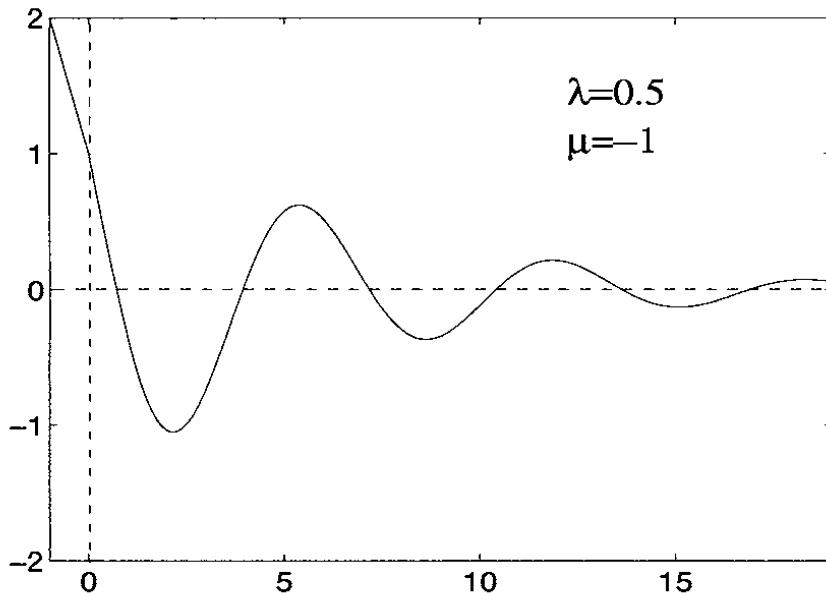
che modellizza dinamiche riguardanti le popolazioni. Essa migliora il modello di Verhulst-Pearl $y'(t) = ay(t)(1 - y(t))$ nel fatto che il *fattore di crescita* $1 - y(t)$ non agisce istantaneamente ma dopo qualche tempo.

Mentre le soluzioni dell'equazione di Verhulst-Pearl sono monotone, le soluzioni positive di (1.1.9) sono monotone per $a \in (0, 1/e)$, oscillano per $a \in [1/e, \pi/2]$ e approssimano orbite periodiche per $a > \frac{\pi}{2}$ (Figura 1.3 e Figura 1.4).

Esempio 1.1.6.

Consideriamo la seguente equazione, presentata da Mackey e Glass, in relazione al rilascio di cellule mature nel flusso sanguigno:

$$y'(t) = \frac{by(t-\tau)}{1 + [y(t-\tau)]^n} - ay(t). \quad (1.1.10)$$

Figura 1.7: soluzione stabile di (1.1.11) per $\lambda > 0$.

Per certi valori dei parametri e del ritardo, la soluzione oscilla, e qualche volta oscilla persino caoticamente. Questo è il caso di pazienti che hanno la leucemia. In particolare, per $a = 0.1$, $b = 0.2$, $n = 10$ e $\tau = 20$, il modello si comporta in modo caotico come mostrato in Figura 1.5.

Esempio 1.1.7.

Consideriamo la seguente equazione lineare scalare

$$\begin{cases} y'(t) = \lambda y(t) + \mu y(t-1) & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = -t + 1 & \text{per } t \leq 0 \end{cases} \quad (1.1.11)$$

con coefficienti reali costanti λ e μ . È noto che per $\mu = 0$, la soluzione dell'equazione (1.1.11), che si legge

$$\begin{cases} y'(t) = \lambda y(t) & \text{per } t \geq 0 \\ y(0) = 1 \end{cases} \quad (1.1.12)$$

si annulla asintoticamente per ogni λ negativo laddove esplode per ogni λ positivo. Per di più, nel primo caso essa rimane limitata dal valore iniziale 1. D'altra parte, per $\mu \neq 0$ il termine ritardato $\mu y(t-1)$ in (1.1.11) agisce come termine forzante e le suddette proprietà della soluzione potrebbero non valere. In particolare, per ogni $\mu > 0$ esiste un $\lambda < 0$ per cui la soluzione non

si annulla asintoticamente, e un altro $\lambda < 0$ per cui la soluzione si annulla asintoticamente ma non è limitata dal valore iniziale $y(0) = 1$. La situazione suddetta è illustrata in Figura 1.6 per $\mu = 4$ e per $\lambda = -3.5$ e -5 . Inoltre per $\lambda = 0.5$ e $\mu = -1$ il termine ritardato $-y(t-1)$ agisce come *stabilizzatore* del modello la cui soluzione si comporta stabilmente nonostante la positività di λ (vedi Figura 1.7).

Per concludere accenniamo che un altro comportamento frequente e molto interessante è quello in cui piccoli ritardi possono produrre grandi effetti e cambiamenti.

1.2 Regolarità delle soluzioni

In questa sezione focalizziamo la nostra attenzione sul grado di regolarità della soluzione per sistemi di DDEs

$$\begin{cases} y'(t) = f\left(t, y(t), y(t - \tau(t, y(t)))\right) & \text{per } t_0 \leq t \leq t_f \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0 \end{cases} \quad (1.2.1)$$

dove $f: [t_0, t_f] \times \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$. In particolare, porremo la nostra attenzione sulla natura e sulla posizione di salti di discontinuità della derivata, se ce ne sono, e la loro propagazione lungo l'intervallo di integrazione sotto differenti ipotesi sul ritardo τ .

Per di più, per completezza, forniremo alcuni risultati sull'esistenza e unicità della soluzione per il problema ai valori iniziali di cui sopra. Mentre per ritardi costanti e dipendenti dal tempo questi problemi sono stati ampiamente studiati, una completa e soddisfacente analisi per il caso più generale di ritardo dipendente dalla variabile di stato non è ancora stata data.

Abbiamo già sottolineato che la presenza dell'argomento ritardato in y può causare la presenza di salti di discontinuità in y' o in derivate superiori di y in punti successivi. Questo è un aspetto centrale, al fine di introdurre una modellistica numerica per equazioni con ritardo che sia rigorosa ed efficace. D'altro canto, è ben noto che ogni metodo numerico per problemi ai valori iniziali raggiunge il suo proprio grado di accuratezza ammesso che la soluzione sia sufficientemente regolare in ogni intervallo $[t_n, t_{n+1}]$. Più precisamente, per un metodo di ordine p , di solito si richiede che la soluzione sia almeno C^{p+1} -continua in $[t_n, t_{n+1}]$. Pertanto, affinché il metodo sia accurato, è cruciale inglobare tra i punti di rete tutte le discontinuità di y^s almeno per $s = 0, 1, \dots, p + 1$. Aspetti inerenti al posizionamento dei punti di discontinuità e della regolarità a pezzi delle soluzioni delle DDEs sono stati

già affrontati da un punto di vista teorico da Neves e Feldstein per il caso generale del ritardo dipendente dallo stato. Successivamente, il problema è stato affrontato da un punto di vista più pratico da Feldstein e Neves, Paul, Willé, Beker e Carwin, Sarafyan e Thompson. Questa sezione è dedicata ad analizzare come i punti di discontinuità si propagano attraverso l'intervallo di integrazione $[t_0, t_f]$ e l'incremento di regolarità che si verifica nei punti di discontinuità rispetto ai loro *antenati*, cioè i punti di discontinuità da cui si originano.

Il numero e la posizione dei punti di discontinuità dipende essenzialmente dal comportamento del cosiddetto *argomento ritardato*

$$\alpha(t) = t - \tau(t, y(t))$$

visto come funzione di t , per il ritardo τ che può essere costante, variabile o persino dipendente dallo stato. Per di più, assumeremo $\alpha(t) \leq t$ perché il ritardo è sempre non negativo. In particolare se $\alpha(t) \geq 0$ per ogni $t \geq t_0$, allora non è necessario nessun valore di y in (1.2.1) che sia antecedente a t_0 e, perciò, non si propaga alcuna discontinuità a partire da t_0 . Allora, la soluzione sarà regolare concordemente alla regolarità di f e α .

1.2.1 Discontinuità primarie e secondarie

Consideriamo il caso scalare dell'equazione (1.2.1) (i.e. $d = 1$) e assumiamo che l'argomento ritardato $\alpha = t - \tau$ sia $\alpha(t) < t_0$ per alcuni punti $t \in [t_0, t_f]$. Inoltre, assumiamo che la soluzione $y(t)$ non si colleghi regolarmente alla funzione iniziale $\varphi(t)$ in t_0 i.e. $\varphi'(t_0) \neq y'(t_0)^+ = f(t_0, \varphi(t_0), \varphi(\alpha(t_0)))$. Se le funzioni f , φ , e α sono continue, allora è ovvio che $y'(t)$ è anche continua per ogni $t > t_0$. D'altra parte, se f , φ , e α sono differenziabili, allora $y''(t)$ esiste per ogni t eccetto che per i punti $\xi_{1,i} (> t_0)$ tali che

$$\alpha(\xi_{1,i}) = t_0$$

e

$$\alpha'(\xi_{1,i}) \neq 0$$

i.e per le radici semplici, se ce ne sono, dell'equazione

$$\alpha(t) = t_0.$$

Infatti, per una qualsiasi funzione regolare $f(t, y, x)$ possiamo formalmente scrivere

$$\begin{aligned} y''(t)^\pm &= \frac{\partial f}{\partial t}\left(t, y(t), y(\alpha(t))\right) + \frac{\partial f}{\partial y}\left(t, y(t), y(\alpha(t))\right)y'(t) \\ &\quad + \frac{\partial f}{\partial x}\left(t, y(t), y(\alpha(t))\right)y'(\alpha(t))^\pm \alpha'(t) \end{aligned} \tag{1.2.2}$$

e quindi

$$\begin{aligned} y''(\xi_{1,i})^+ &= \frac{\partial f}{\partial t}(\xi_{1,i}, y(\xi_{1,i}), y(t_0)) + \frac{\partial f}{\partial y}(\xi_{1,i}, y(\xi_{1,i}), y(t_0))y'(\xi_{1,i}) \\ &\quad + \frac{\partial f}{\partial x}(\xi_{1,i}, y(\xi_{1,i}), y(t_0))y'(t_0)^+\alpha'(\xi_{1,i}) \end{aligned} \tag{1.2.3}$$

e

$$\begin{aligned} y''(\xi_{1,i})^- &= \frac{\partial f}{\partial t}(\xi_{1,i}, y(\xi_{1,i}), y(t_0)) + \frac{\partial f}{\partial y}(\xi_{1,i}, y(\xi_{1,i}), y(t_0))y'(\xi_{1,i}) \\ &\quad + \frac{\partial f}{\partial x}(\xi_{1,i}, y(\xi_{1,i}), y(t_0))\varphi'(t_0)^-\alpha'(\xi_{1,i}) \end{aligned} \tag{1.2.4}$$

Poiché $\alpha'(\xi_{1,i}) \neq 0$ e abbiamo supposto $\varphi'(t_0)^-$ diversa da $y'(t_0)^+$, y'' non esiste in $\xi_{1,i}$ e il suo prolungamento tramite $y''(\xi_{1,i}) = y''(\xi_{1,i})^+$ presenta un salto di discontinuità.

Questi salti di discontinuità che si verificano in y'' sono chiamati *discontinuità primarie di livello-1*. Differenziando (1.2.2) si può facilmente verificare che ogni punto $\xi_{1,i}$ di discontinuità primaria di livello-1 provoca a sua volta una *discontinuità primaria di livello-2* in y''' in ogni punto $\xi_{2,j} (> \xi_{1,i})$ che è una radice semplice di

$$\alpha(t) = \xi_{1,i} \quad \text{per qualche } i.$$

In generale ogni punto $\xi_{k,i}$ di *discontinuità primaria di livello-k* genera in un successivo punto $\xi_{k+1,j}$ una *discontinuità primaria di livello-(k+1)* in y^{k+2} , dove la soluzione di (1.2.1) diventa sempre più regolare al crescere del livello di discontinuità primaria. Ci riferiremo a questo incremento di regolarità denominandolo *regolarità della soluzione*.

Nel caso particolare in cui un punto di discontinuità sia una radice di

$$\alpha(t) = \xi_{j,i} \tag{1.2.5}$$

per qualche j, i con molteplicità dispari $z \geq 3$, la regolarità della soluzione è più rapida rispetto al caso $z = 1$. Questo fenomeno, chiamato in letteratura *regolarità generalizzata*, è stato studiato da Neves e Feldstein per le DDEs ed è descritto rigorosamente nel seguente teorema.

Teorema 1.2.1 (Regolarità generalizzata).

Se $\xi_{j,i}$ è un punto di discontinuità primaria in cui la funzione $y(t)$ ha derivate continue fino all'ordine $\omega - 1$, allora $y(t)$ è differenziabile con continuità nel punto propagato $\xi_{j+1,k}$ almeno fino all'ordine $z \cdot \omega$, se è soddisfatta la condizione che $\xi_{j+1,k}$ sia una radice di (1.2.5) con molteplicità dispari z .

Altre discontinuità possono apparire se le funzioni f , τ e φ in (1.2.1) hanno delle discontinuità rispetto a t in qualche loro derivata. Allora tali discontinuità sono anche propagate dall'argomento ritardato $\alpha(t)$ concordemente alla regola di propagazione della discontinuità primaria e sono chiamate *discontinuità secondarie*. Come per le discontinuità primarie, per preservare l'ordine di accuratezza di un metodo numerico esse devono essere incluse tra i punti di rete. Da qui in avanti, ci riferiremo spesso alle discontinuità primarie e secondarie come *discontinuità*. Tuttavia, per semplicità, assumeremo che tutte le funzioni in (1.2.1) siano C^∞ -continue. Pertanto nella parte interna di ogni intervallo fra due punti di discontinuità consecutivi, la soluzione $y(t)$ è C^∞ -continua e non sono presenti discontinuità secondarie.

Definizione 1.2.2.

Un punto di discontinuità ξ si dice di ordine k se $y^{(s)}(\xi)$ esiste per $s = 0, \dots, k$ e $y^{(s)}$ è Lipschitz-continua in ξ .

Certamente, per le DDEs, ogni punto di discontinuità primaria di livello- p ha ordine $k \geq p$.

Eccetto che per il caso triviale del ritardo costante dove i punti di discontinuità sono dati da $t_0 + kt$, $k = 1, 2, \dots$, il comportamento dell'argomento ritardato $\alpha(t)$ può essere più complicato e persino imprevedibile per equazioni con ritardo dipendente dallo stato. Speculando sulle proprietà dell'argomento ritardato, si potrebbero costruire in abbondanza equazioni con discontinuità che si propagano in maniera arbitraria e caotica in $[t_0, t_f]$, dove verosimilmente $t_f = +\infty$. Poiché è cruciale includere almeno i punti di discontinuità di ordine basso tra i punti di rete, vale la pena analizzare come si possano propagare lungo l'intervallo d'integrazione mettendo in luce alcune particolari situazioni.

1.2.2 Ritardi temporali che svaniscono

Per prima cosa indaghiamo riguardo a (1.2.1) come le discontinuità primarie sono posizionate vicino ai punti in cui il ritardo $\tau(t)$ si annulla. In questo caso, chiamato del *ritardo che svanisce*, si assume che esista un punto $\xi > t_0$ tale che $\alpha(\xi) = \xi$. Affidandoci alla continuità di $\alpha(t)$, è evidente che per ogni punto di discontinuità di livello- k $\xi_{k,i} < \xi$ tale che $\alpha(\xi_{k,i}) < \xi_{k,i}$, esiste un punto di discontinuità di livello- $(k+1)$, indichiamolo con $\xi_{k+1,j}$ tale che $\alpha(\xi_{k+1,j}) < \xi_{k+1,j}$ e $\xi_{k,i} < \xi_{k+1,j} < \xi$. In altre parole, ci sono infiniti punti di discontinuità in ogni intorno sinistro di ξ (vedi Figura 1.8).

D'altra parte, per le DDEs entra in gioco la regolarità della soluzione, e quindi esiste un intorno sinistro di ξ che include solo punti di discontinuità di ordine arbitrariamente grande.

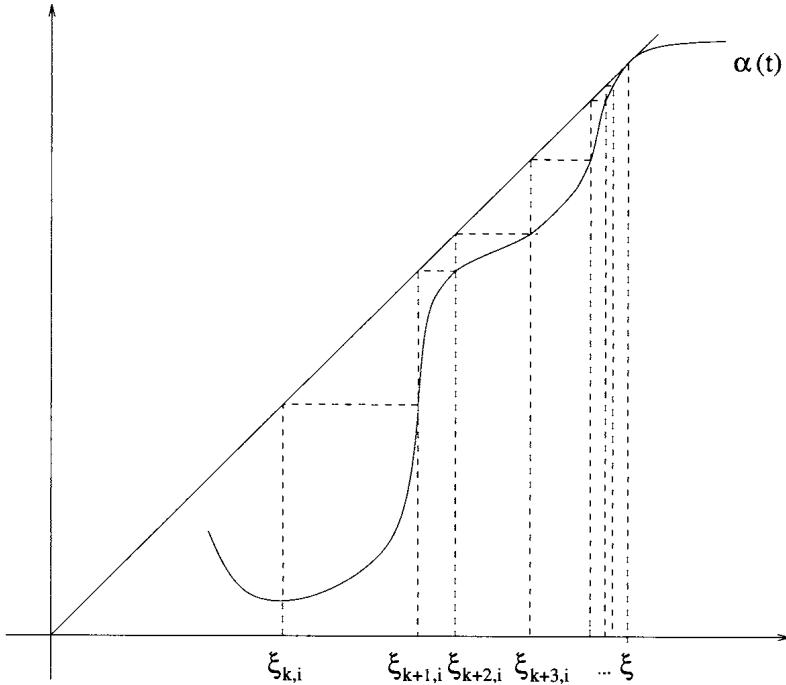


Figura 1.8: Accumulazione dei punti di discontinuità in un intorno sinistro di un punto ξ in cui il ritardo svanisce.

Al fine di evitare l'addensarsi di discontinuità dovute a ritardi che svaniscono, assumeremo spesso che sia soddisfatta la seguente ipotesi:

(H_1) Esiste una costante $\tau_0 > 0$ tale che $\tau = t - \alpha(t) \geq \tau_0$ per ogni $t \in [t_0, t_f]$.

È ovvio che sotto l'ipotesi (H_1), la distanza fra un punto di discontinuità e il suo antenato è almeno τ_0 . Perciò, in un qualsiasi intervallo $[t_0, t_f]$ il numero di punti di discontinuità è finito.

1.2.3 Ritardi temporali limitati e non

Qui studiamo come le discontinuità primarie si propagano concordemente alla regola generale

$$\alpha(\xi_{k,j}) = \xi_{k-1,i} \quad \text{per qualche } i \quad (1.2.6)$$

dove $k > 0$ e j qualsiasi, $\xi_{k,j}$ è un punto di discontinuità primaria di livello- k e $\xi_{0,1} = t_0$ è l'unico punto di discontinuità di livello-0. In particolare, quando l'intervallo di integrazione è illimitato, i.e. $t_f = +\infty$ è importante distinguere fra modelli con *effetti postumi limitati* da quelli con *effetti postumi non limitati*,

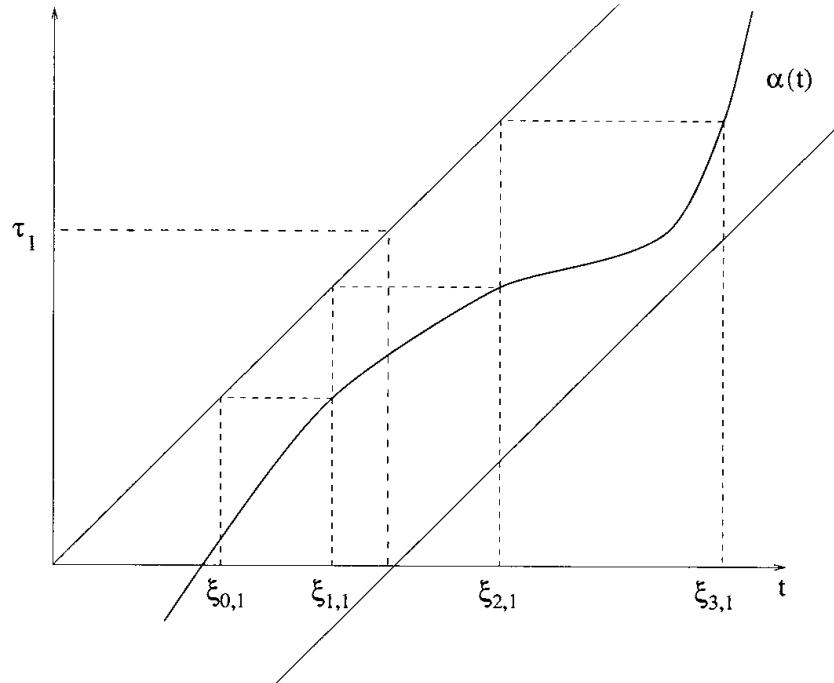


Figura 1.9: Esempio di successione divergente di punti di discontinuità.

cioè con una funzione ritardo τ limitata o non limitata. Consideriamo pertanto le seguenti ipotesi:

$$(H_2) \lim_{t \rightarrow +\infty} \alpha(t) = +\infty.$$

$$(H_3) \text{ Esiste una costante } \tau_1 > 0 \text{ tale che } \tau = t - \alpha(t) \leq \tau_1 \text{ per ogni } t \in [t_0, t_f].$$

Per quanto riguarda la propagazione delle discontinuità, (H_2) significa che la soluzione è indefinitamente regolare, e al crescere di k , i punti di discontinuità $\xi_{k,i}$ devono o convergere a un punti di ritardo che svanisce (vedi Figura 1.8) oppure divergere a $+\infty$ (vedi Figura 1.9). In entrambi i casi, un qualsiasi punto di discontinuità di livello- k si incontra dopo un t sufficientemente grande.

L'ipotesi di limitatezza (H_3) implica evidentemente (H_2) , ma non viceversa. Per esempio, se consideriamo la cosiddetta *equazione del pantografo* $y'(t) = f(t, y(t), y(qt))$, $t \geq 0$, abbiamo

$$\alpha(t) = qt \quad \text{con } 0 < q < 1$$

e

$$\tau(t) = (1 - q)t$$

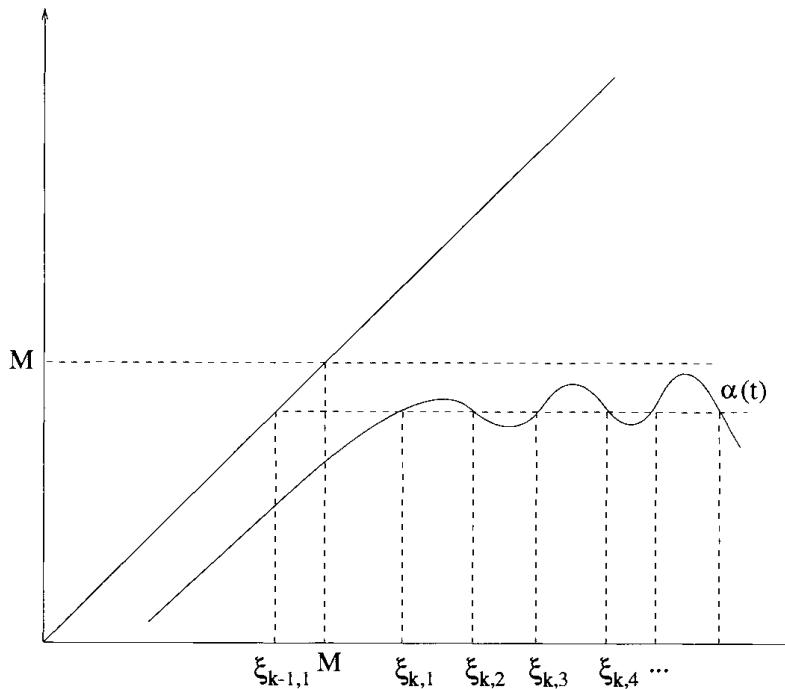


Figura 1.10: Punti di discontinuità dello stesso livello generati da un argomento ritardato limitato.

che sono entrambi illimitati.

In particolare, quando vale (H_3), si dice che il modello ha una *memoria evanescente*. Con ciò intendiamo dire che per una qualsiasi t , dopo un lungo ma uniformemente limitato intervallo di tempo trascorso, il valore della soluzione $y(t)$ non influenzera il membro destro di (1.2.1). In altre parole, per integrare la DDE è sufficiente memorizzare un segmento finito dell'ultima storia passata.

Al contrario, per ritardi $\tau(t)$ non limitati, l'argomento ritardato $\alpha(t) = t - \tau(t)$ può essere limitato oppure non esserlo. Quando entrambi $\tau(t)$ e $\alpha(t)$ sono non limitati, come nell'equazione del pantografo, la soluzione $y(t)$ finirà col dipendere prima o poi da un segmento arbitrariamente grande della storia passata che deve essere memorizzato per l'integrazione numerica.

Se l'argomento ritardato è invece limitato, diciamo $\alpha(t) \leq M$, allora alla destra di M potrebbero giacere un'infinità di discontinuità primarie, ma nessuna di loro, sempre che ce ne sia una, può accrescere il suo livello in $[M, +\infty]$ (vedi Figura 1.10). Ciò impedisce la regolarità della soluzione. Per di più la soluzione $y(t)$ dipende definitivamente dalla storia fino a M .

In molte applicazioni è soddisfatta la seguente ipotesi:

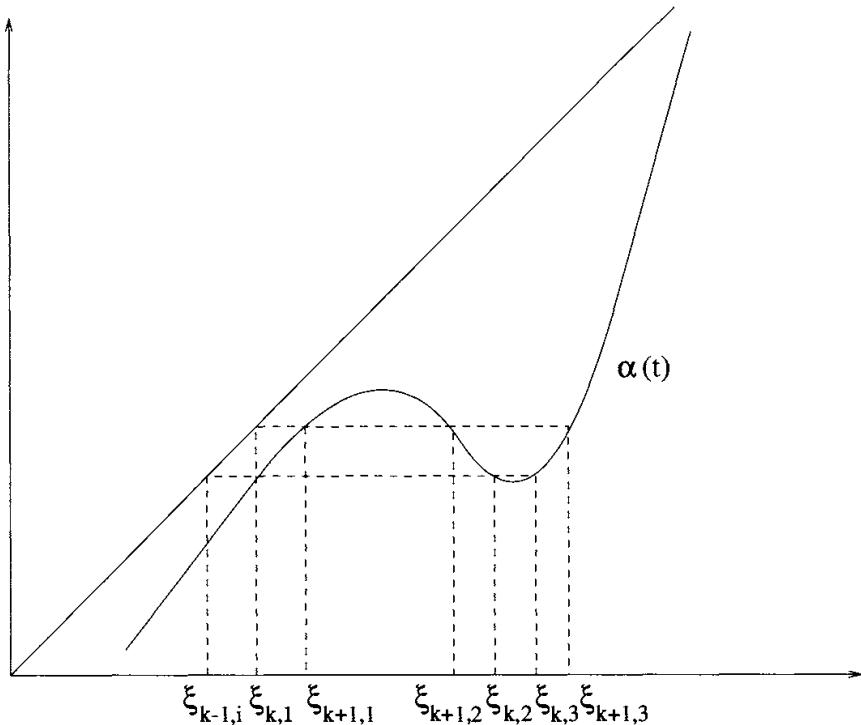


Figura 1.11: Combinazione di punti di discontinuità di differenti livelli.

(H_4) L'argomento ritardato $\alpha(t)$ è una funzione strettamente crescente per ogni $t \in [t_0, t_f]$.

Questo è il caso, per esempio, per tutti i modelli con ritardo τ costante. In generale, se (H_4) vale e $\alpha(t_0) < t_0$ allora i punti di discontinuità primaria costituiscono una successione crescente $\xi_1 < \xi < \dots < \xi_j < \dots$, dove, per un qualsiasi j , $\xi_j = \xi_{j,1}$ è il solo punto di discontinuità di livello- j . Ciò significa, che al trascorrere del tempo la soluzione diventa sempre più regolare. Al contrario, argomenti ritardati che oscillano possono causare l'interazione di differenti livelli di discontinuità come mostrato in Figura 2.4.

Tuttavia, in molti casi è sufficiente localizzare i *punti principali di discontinuità* definiti come segue

Definizione 1.2.3.

Il sottoinsieme di un indice dei punti di discontinuità primaria $\bar{\xi}_i$ definito induttivamente da $\bar{\xi}_0 = t_0$ e, per $i \geq 0$, dalla radice minima $\bar{\xi}_{i+1}$ di

$$\alpha(t) = \bar{\xi}_i$$

con molteplicità dispari, è chiamato insieme dei *punti principali di discontinuità*.

I punti principali di discontinuità sono interessanti perché, per ogni i ,

$$\alpha(t) \leq \bar{\xi}_i \quad \text{per ogni } t \in [\bar{\xi}_i, \bar{\xi}_{i+1}].$$

Notiamo che $\bar{\xi}_i$ non è altro che $\min_j \xi_{i,j}$. In particolare, se vale (H_4) , allora tutti i punti di discontinuità primaria sono principali.

1.2.4 Ritardi multipli

Talvolta nelle applicazioni incontriamo DDEs in cui il membro destro dipende da più di un argomento ritardato, cioè abbiamo equazioni del tipo

$$\begin{cases} y'(t) = f\left(t, y(t), y(\alpha_1(t)), \dots, y(\alpha_r(t))\right) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0 \end{cases}$$

Teoricamente, la presenza di diversi ritardi non introduce particolari difficoltà addizionali oltre quelle afferenti alla casistica inherente ad un ritardo unico. La principale complicazione risiede nella possibilità di una proliferazione più caotica dei punti di discontinuità. Per esempio, anche se tutti gli argomenti ritardati sono strettamente crescenti, ogni punto di discontinuità genera, a propria volta, altri r punti di discontinuità. Perciò, se $\xi_{k-1,j}$ è un punto di discontinuità di livello $k - 1$, allora troviamo i corrispondenti punti di discontinuità di livello k , risolvendo le r equazioni

$$\alpha_i(\xi_{k,(j-1)r+i}) = \xi_{k-1,j} \quad \text{per } i = 1, \dots, r.$$

Può accadere che due o più punti di discontinuità, verosimilmente di livelli diversi, coincidano. Una simile proliferazione caotica si verifica per le discontinuità principali. Tuttavia, nella maggior parte dei casi la differenza con la situazione che vede la presenza di un solo ritardo è tecnicamente piuttosto concettuale. Ciononostante, nell'analisi e nell'implementazione di metodi numerici, è spesso conveniente riformulare le equazioni, senza perdita di generalità, nella *forma semplificata* seguente:

$$\begin{cases} y'(t) = f\left(t, y(t), y(\alpha(t))\right) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0 \end{cases} \tag{1.2.7}$$

dove $y = [y_1, \dots, y_d]^T \in \mathbb{R}^d$, $\alpha = [\alpha_1, \dots, \alpha_d]^T \in \mathbb{R}^d$ e con $y(\alpha(t))$ intendiamo il vettore $y = [y_1(\alpha_1(t)), \dots, y_d(\alpha_d(t))]^T$. In altre parole, ogni componente ha al massimo un ritardo. Questa è una condizione restrittiva che è violata in molti modelli realistici. Tuttavia, tutte le DDEs possono essere trasformate

nella forma semplificata suddetta dalla seguente trasformazione, introdotta da Neves e denominata *metodo degli argomenti estesi*.

Per semplicità assumiamo che la sola violazione alla condizione che caratterizza la forma semplificata, è che la variabile $y_i(t)$ dipenda da due argomenti ritardati $\alpha_i(t)$ e $\varrho_i(t)$ nella j -esima componente del sistema come segue:

$$y'_j(t) = f_j\left(t, y_1(t), \dots, y_d(t), y_1(\alpha_1(t)), \dots, y_i(\alpha_i(t)), \dots, y_d(\alpha_d(t)), y_i(\varrho_i(t))\right). \quad (1.2.8)$$

Ora consideriamo una nuova variabile fittizia $y_{d+1}(t)$ e ridenominiamo l'argomento ritardato $\varrho_i(t)$ come $\alpha_{d+1}(t)$ e successivamente sostituiamo nell'equazione (1.2.8) per ottenere

$$y'_j(t) = f_j\left(t, y_1(t), \dots, y_d(t), y_1(\alpha_1(t)), \dots, y_d(\alpha_d(t)), y_{d+1}(\alpha_{d+1}(t))\right).$$

Infine, allarghiamo il sistema con la seguente equazione

$$y'_{d+1}(t) = f_i\left(t, y_1(t), \dots, y_d(t), y_1(\alpha_1(t)), \dots, y_d(\alpha_d(t))\right) \quad \text{se } j \neq i$$

oppure con

$$y'_{d+1}(t) = f_i\left(t, y_1(t), \dots, y_d(t), y_1(\alpha_1(t)), \dots, y_{d+1}(\alpha_{d+1}(t))\right) \quad \text{se } j = i$$

sistema dotato della condizione iniziale

$$y'_{d+1}(t) = \varphi_i(t) \quad \text{per } t \leq t_0$$

che rende $y'_{d+1}(t) = y_i$ per ogni $t \geq t_0$.

In generale, il sistema allargato prende la forma semplificata (1.2.7) in qualche dimensione $d' > d$ con d' uguale al numero dei ritardi differenti presenti nel sistema originale.

Oltre l'evidente semplificazione di programmazione per il risolutore di DDEs, il vantaggio di usare la forma semplificata è che essa rende molto più facile estrarre dall'insieme delle discontinuità primarie $\xi_{k,s}$ un sottoinsieme totalmente ordinato di discontinuità principali $\bar{\xi}_j$ tale che, per ogni j ,

$$\alpha_i(t) \leq \bar{\xi}_j \quad \text{per ogni } t \in [\bar{\xi}_j, \bar{\xi}_{j+1}] \text{ e } \forall i \leq d$$

come nel caso del ritardo singolo. Un tale insieme si ottiene semplicemente prendendo e ordinando l'insieme delle discontinuità principali attinenti a ciascun argomento ritardato $\alpha_i(t)$ nella forma semplificata della DDE (1.2.7).

Definizione 1.2.4.

I punti di discontinuità principale per le soluzioni delle DDEs nella forma semplificata (1.2.7) sono dati dai punti $\bar{\xi}_{i,j}$, $1 \leq i \leq d$ tali che $\bar{\xi}_{i,0} = t_0$ e per ogni $j \geq 0$, $\bar{\xi}_{i,j+1}$ è la radice minima di

$$\alpha_i(t) = \bar{\xi}_{i,j}$$

con molteplicità dispari.

Per evitare confusione, sottolineiamo che il primo indice nei punti di discontinuità principale $\bar{\xi}_{i,j}$ non è più relativo al suo livello, come per un generico punto di discontinuità primaria, ma relativo alla componente dell'argomento ritardato $\alpha(t)$ da cui dipende.

1.2.5 Ritardi dipendenti dallo stato

Infine, consideriamo brevemente le difficoltà legate al caso in cui il ritardo abbia la forma $\tau(t, y(t))$. Per prima cosa notiamo che l'ipotesi (H_1) , il cui obiettivo è evitare ritardi che svaniscono, deve essere modificata in

(H_1^*) Esiste una costante $\tau_0 > 0$ tale che $\tau(t, z) \geq \tau_0$ per ogni $t \in [t_0, t_f]$ e $z \in \mathbb{R}^d$.

Di sicuro, l'ipotesi di monotonia (H_4) non può più essere considerata.

Al fine di localizzare le discontinuità, in linea di massima dovremo applicare la regola generale di propagazione (1.2.6) che nella casistica del ritardo dipendente dallo stato diviene

$$\xi_{k,j} - \tau(\xi_{k,j}, y(\xi_{k,j})) = \xi_{k-1,i} \quad \text{per qualche } i \quad (1.2.9)$$

e risolverla per $\xi_{k,j}$. Poiché il ritardo è dipendente da $y(t)$, ciò non può essere fatto a priori senza conoscere la soluzione. Per di più è evidente che anche assumendo che sia disponibile una qualche approssimazione di $y(t)$, dovremmo accontentarci di un'approssimazione del punto di discontinuità $\xi_{k,j}$ e, trovare radici è già un problema mal condizionato di per sé. In conclusione, l'impossibilità di individuare i punti di discontinuità a priori rende piuttosto complicato l'implementazione e l'analisi della convergenza di un metodo numerico per (1.2.1).

1.2.6 Propagazione delle discontinuità in sistemi

Il lavoro di Neves e Feldstein sulla propagazione delle discontinuità è stato esteso da Willé e Baker a sistemi di DDEs. In questa sezione seguiremo la linea da loro adottata e la notazione da loro sviluppata.

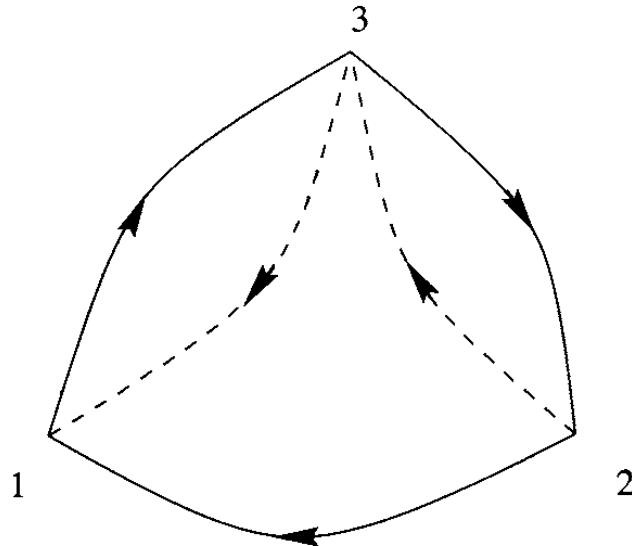


Figura 1.12: rete di dipendenza del sistema (1.2.10).

Per semplicità, consideriamo l'equazione (1.2.1) con $d > 1$ e un unico ritardo τ . Se assumiamo che in (1.2.1) ogni componente $y'_i(t)$ dipenda da tutte le componenti della soluzione ritardata $y(t - \tau)$, la propagazione delle discontinuità come anche la regolarità e la regolarità generalizzata della soluzione, si comporta come delineato nelle precedenti sezioni. Al contrario, se qualche componente non è abbinata a tutte le componenti ritardate, la propagazione delle discontinuità segue una strada differente e la regolarità delle soluzioni può raggiungere ordini superiori.

Assumiamo che in (1.2.1) ogni componente $y'_i(t)$ dipenda da alcune componenti $y_{k_j}(t)$, $j = 1, \dots, s_i$ e $y_{l_j}(t - \tau)$, $j = 1, \dots, r_i$. In questo caso diciamo che la componente y_i della soluzione è abbinata *fortemente* alle componenti y_{k_j} , $j = 1, \dots, s_i$ e abbinata *debolmente* alle componenti y_{l_j} , $j = 1, \dots, r_i$. Willé e Baker hanno illustrato l'accoppiamento per mezzo di un grafico orientato, chiamato *rete di dipendenza* che collega i nodi, contrassegnati da $i = 1, \dots, d$, per mezzo di linee continue e tratteggiate per indicare l'accoppiamento forte e debole delle corrispondenti y_i rispettivamente. Per esempio, per il sistema

$$\begin{cases} y'_1(t) = f_1(y_2(t), y_3(t - 1)) \\ y'_2(t) = f_2(y_3(t)) \\ y'_3(t) = f_3(y_1(t), y_2(t - 1)) \end{cases} \quad t \geq 0 \quad (1.2.10)$$

la rete di dipendenza si costruisce come in Figura 1.12. Assumiamo che le componenti y_3 e y_2 non soddisfino la *condizione di collegamento*, intendendo

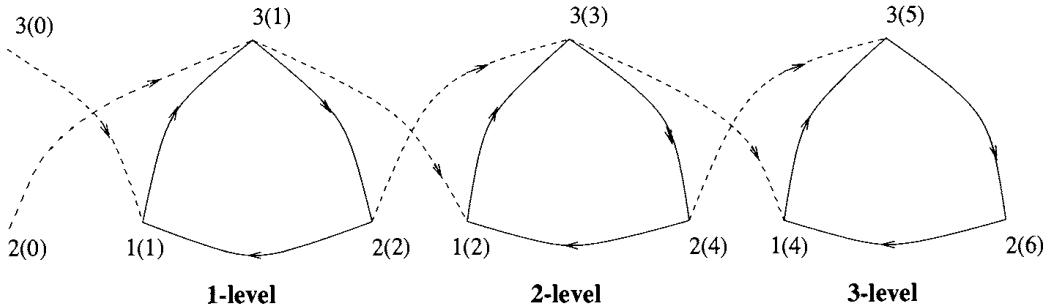


Figura 1.13: rete di dipendenza dinamica del sistema (1.2.10).

con ciò la seguente

$$\varphi'(t_0)^- = y'(t_0)^+ = f\left(t_0, \varphi(t_0), \varphi(\alpha(t_0))\right)$$

cosicché si presentino discontinuità in y'_3 y'_1 in t_0 . Al fine di analizzare come tali discontinuità si propaghino nei punti successivi $t = 1, 2, \dots$, consideriamo la variazione dinamica della rete di dipendenza come in Figura 1.13 dove gli accoppiamenti forti avvengono allo stesso livello di discontinuità, cioè allo stesso tempo, mentre gli accoppiamenti deboli hanno luogo tra due livelli consecutivi, cioè da $t - 1$ a t . In ogni livello, l'ordine della discontinuità propagata è racchiuso tra parentesi vicino ciascun numero indicante il rispettivo nodo; tale ordine rappresenta il massimo ordine della derivata continua della corrispondente componente. In ogni livello, le discontinuità sono *importate* attraverso i nodi del precedente livello che sono accoppiati debolmente ai nodi del livello corrente. Tra due livelli consecutivi ciascun accoppiamento debole aumenta di 1 l'ordine di una discontinuità propagata. Per ritardi variabili, concordemente al Teorema 1.2.1 sulla regolarità generalizzata, gli archi orientati corrispondenti ad accoppiamenti deboli sono *pesati* dalla molteplicità z del punto di discontinuità visto come radice dell'equazione di propagazione (1.2.6). In particolare se $z > 1$, allora l'accoppiamento produce un incremento di ordine pari a $(z - 1)\omega + 1$, considerando che l'ordine dell'antenato sia $\omega - 1$. Accoppiamenti forti che sono attinenti allo stesso livello hanno sempre peso $z = 1$, e quindi incrementano l'ordine di 1. Pertanto, l'ordine di discontinuità raggiunto da un nodo in ogni livello è dato dall'ordine minimo fornito da tutti gli accoppiamenti (archi orientati) entranti nel nodo. In conclusione, l'incremento dell'ordine complessivo di discontinuità della funzione vettoriale y è almeno uguale a 1 per ogni livello, e possibilmente più alto. In particolare, per il sistema (1.2.10), si verifica un salto di regolarità al livello 3, dove l'ordine complessivo di discontinuità passa da 2 a 4.

1.3 Esistenza e unicità delle soluzioni

Come per le ordinarie equazioni differenziali, teoremi di esistenza e unicità per l'IVP (1.2.1) si basano essenzialmente sulla continuità della funzione $f(t, u, v)$ rispetto a t e sulla Lipschitz-continuità rispetto a u , v e w .

In particolare per l'equazione

$$\begin{cases} y'(t) = f\left(t, y(t), y(t - \tau(t, y(t)))\right) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0 \end{cases}$$

l'analisi di esistenza locale e unicità è abbastanza triviale quando l'ipotesi (H_1^*) sia valida per il ritardo τ , cioè:

$$\inf_{[t_0, t_f] \times \mathbb{R}^d} \tau(t, x) = \tau_0 > 0.$$

Infatti, nell'intervallo $[t_0, t_0 + H]$, con $H = \tau_0$, l'equazione da risolvere si riduce alla ODE

$$\begin{cases} y'(t) = f\left(t, y(t), \varphi(t - \tau(t, y(t)))\right) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t_0) \end{cases}$$

per la quale risultati standard ben noti possono essere usati per provare l'esistenza e l'unicità della soluzione. In particolare, la continuità di $f(t, u, v)$ rispetto a t e la Lipschitz-continuità rispetto a u e v , in aggiunta alla Lipschitz-continuità di φ e τ , garantiscono la locale esistenza e unicità della soluzione in $[t_0, t_0 + \delta]$ per qualche $\delta > 0$.

Per l'esistenza della soluzione in un intervallo finito $[t_0, t_f]$, possiamo procedere per integrazioni successive sugli intervalli $[t_0 + iH, t_0 + (i+1)H]$, $i = 0, 1, \dots$, dove le equazioni da risolvere sono ancora ordinarie, procedura valida sempre che sia nota la soluzione fino a $[t_0 + iH]$. Questo metodo è conosciuto in letteratura come *metodo passo passo* ed è uno dei metodi standard per l'analisi teorica e l'integrazione numerica di DDEs sotto l'ipotesi (H_1^*) .

Quando il ritardo τ non svanisce in qualche punto t^* , il metodo passo passo non si applica in un intorno di t^* e risultati di esistenza e unicità diventano più difficili da provare.

Ora, diamo qualche noto risultato per le equazioni (1.2.1), sotto condizioni più generali sui ritardi.

Teorema 1.3.1 (Esistenza locale).

Consideriamo l'equazione

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t), y(t - \tau(t))) & \text{per } t_0 \leq t \leq t_f \\ y(t) = y_0 \end{cases} \quad (1.3.1)$$

e assumiamo che la funzione $f(t, u, v)$ sia continua su $A \subset [t_0, t_f] \times \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}^d$ e localmente Lipschitz-continua rispetto a u e v . Per di più, assumiamo che la funzione ritardo $\tau(t) \geq 0$ sia continua in $[t_0, t_f]$, $\tau(t_0) = 0$, e per qualche $\xi > 0$, $t - \tau(t) > t_0$ nell'intervallo $[t_0, t_0 + \xi]$. Allora il problema (1.3.1) ha un'unica soluzione in $[t_0, t_0 + \delta)$ per qualche $\delta > 0$ e tale soluzione dipende in maniera continua dal dato iniziale.

Si può mostrare che, sotto le stesse ipotesi, la soluzione può essere estesa fino a una *soluzione massimale* definita nell'intervallo $[t_0, b)$ con $t_0 < b \leq t_f$. Ciò ci permette di provare il seguente teorema di esistenza globale.

Teorema 1.3.2 (Esistenza globale).

Se, sotto le stesse ipotesi del Teorema 1.3.1, l'unica soluzione massimale di (1.3.1) è limitata, allora essa esiste sull'intero intervallo $[t_0, t_f]$.

Al fine di poter applicare il teorema di esistenza globale, abbiamo bisogno di una limitazione a priori per la soluzione. Questa esigenza è soddisfatta dal seguente corollario.

Corollario 1.3.3.

Sotto le stesse ipotesi del Teorema 1.3.1, assumiamo che la funzione $f(t, u, v)$ soddisfi la condizione

$$\|f(t, u, v)\| \leq M(t) + N(t)(\|u\| + \|v\|)$$

in $[t_0, t_f] \times \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}^d$, dove $M(t)$ e $N(t)$ sono funzioni continue e positive su $[t_0, t_f]$. Allora la soluzione di (1.3.1) esiste ed è unica sull'intero intervallo $[t_0, t_f]$.

I risultati precedenti valgono per ritardi multipli e forniscono, in particolare, l'esistenza globale, l'unicità e la dipendenza continua dal dato iniziale per la soluzione della DDE lineare

$$\begin{cases} y'(t) = \sum_{i=0}^r A_i(t)y(t - \tau_i(t)) + g(t) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0 \end{cases}$$

per funzioni continue $A_i(t)$, $i = 0, \dots, r$, $\varphi(t)$ e $g(t)$ e per ogni insieme di ritardi continui $\tau_i \geq 0$.

Il seguente risultato, provato da Driver, estende il risultato di esistenza del Teorema 1.3.1 al caso più generale dei ritardi dipendenti dallo stato.

Teorema 1.3.4 (Esistenza locale).

Consideriamo l'equazione

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t), y(t - \tau(t, y(t)))) & \text{per } t \geq t_0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq t_0 \end{cases} \quad (1.3.2)$$

Sia $U \subseteq \mathbb{R}^d$ e $V \subseteq \mathbb{R}^d$ intorni di $\varphi(t_0)$ e $\varphi(t_0 - \tau(t_0, \varphi(t_0)))$ rispettivamente, e assumiamo che la funzione $f(t, u, v)$ sia continua rispetto a t e Lipschitz-continua rispetto a u e v in $[t_0, t_0 + h] \times U \times V$ per qualche $h > 0$. Per di più, assumiamo che la funzione iniziale $\varphi(t)$ sia Lipschitz-continua per $t \leq t_0$ e che la funzione ritardo $\tau(t, y) \geq 0$ sia continua rispetto a t e Lipschitz-continua rispetto a y in $[t_0, t_0 + h] \times U$. Allora il problema (1.3.2) ha un'unica soluzione in $[t_0, t_0 + \delta)$ per qualche $\delta > 0$ e questa soluzione dipende in maniera continua dalla funzione iniziale.

Driver ha anche provato un risultato analogo per equazioni con ritardi multipli.

Teoremi ancor più generali sono disponibili, tuttavia per il momento essi esulano dalle finalità della nostra trattazione, per tale motivo ci limiteremo soltanto a considerare i suddetti enunciati.

Capitolo 2

Modellistica numerica con ritardo

2.1 Soluzione numerica delle DDEs: oltre la teoria delle ODE

Al fine di illustrare alcune caratteristiche dei metodi numerici per le DDEs e le differenze che essi hanno rispetto ai metodi relativi alle ODEs, consideriamo l'equazione differenziale con ritardo costante

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t), y(t-1)) & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = \varphi(t) & \text{per } t \leq 0. \end{cases} \quad (2.1.1)$$

L'approccio più naturale, ma non unico, per risolvere numericamente (2.1.1) è assegnare passi di integrazione minori o uguali del ritardo $\tau = 1$ e integrare passo passo le ODEs ottenute da (2.1.1) sostituendo il termine ritardato $y(t-1)$ con una funzione $\eta(t-1)$ data, a seconda del valore di t , o dalla funzione iniziale $\varphi(t-1)$ o da un'estensione continua della soluzione approssimata calcolata precedentemente con il metodo stesso. Perciò, all' $(n+1)$ -esimo passo l'equazione da risolvere è

$$\begin{cases} w'_{n+1}(t) = f(t, w_{n+1}(t), x(t-1)) & \text{per } t_n \leq t \leq t_{n+1} \\ w_{n+1}(t_n) = y_n & \end{cases} \quad (2.1.2)$$

dove

$$x(s) = \begin{cases} \varphi(s) & \text{per } s \leq 0 \\ \eta(s) & \text{per } 0 \leq s \leq t_n. \end{cases}$$

La formula d'integrazione fornisce il valore y_{n+1} e, la soluzione approssimata η di (2.1.1), è quindi continuata in $[t_n, t_{n+1}]$ in modo tale che $\eta(t_{n+1}) = y_{n+1}$.

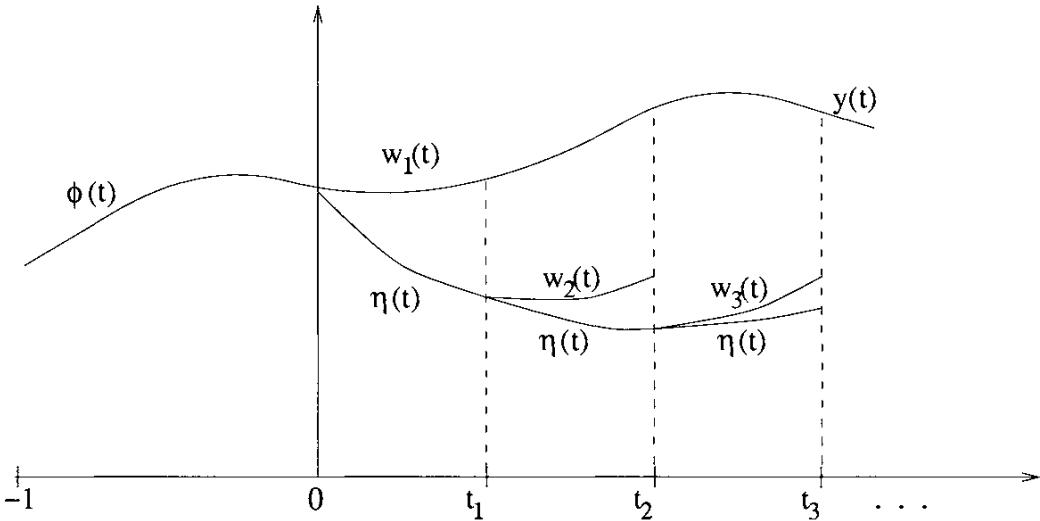


Figura 2.1: Soluzione approssimata di (2.1.1) da un metodo continuo per le ODEs.

Una peculiarità di questo approccio è che, laddove il metodo numerico per le ODEs fornisce valori approssimati della soluzione soltanto nei punti nodali, l’implementazione del metodo numerico per la soluzione di (2.1.2) può richiedere la conoscenza della soluzione approssimata $\eta(t)$ in qualche punto $t - 1$ possibilmente oltre che nei punti nodali. Pertanto, in generale, i metodi per le DDEs si baseranno su *estensioni continue* dei metodi numerici per le ODEs. Ciò può essere fatto o a posteriori, tramite *interpolazione* dei valori y_n dati dal basilare metodo *discreto* per le ODEs, o preferibilmente tramite metodi *continui* per le ODEs, cioè metodi che forniscono passo passo un’approssimazione continua della soluzione (vedi Figura 2.1). Come vedremo, il successo del risultante metodo per le DDEs, in termini di *accuratezza* e *stabilità*, dipende dalla particolare scelta del metodo discreto e anche dall’estensione continua.

Assumiamo che il lettore abbia familiarità con la teoria delle ODEs e con i metodi (discreti) per le loro soluzioni numeriche.

Abbiamo già sottolineato che la presenza di un termine ritardato può modificare drasticamente qualche proprietà di limitatezza o stabilità e, in generale, le dinamiche dei modelli più semplici che riguardano le ODEs. Ora vogliamo illustrare per mezzo di qualche esempio, che anche nell’implementazione dei metodi numerici qualche vantaggiosa proprietà di accuratezza e stabilità dei basilari metodi per le ODEs possono essere distrutti quando il metodo è applicato a una DDE. In particolare ci soffermeremo, per il momento, su alcuni aspetti riguardanti la stabilità per rendere l’idea delle differenze

che possono intercorrere tra le DDEs e le ODEs nella loro implementazione numerica.

2.2 Un metodo per le DDEs: regola del punto medio

Al fine di fornire un esempio di metodo numerico applicabile alle DDEs consideriamo la classe di equazioni lineari a coefficienti costanti

$$\begin{cases} y'(t) = ay(t) - \frac{\pi}{2}e^a y(t-1) & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = \varphi(t) = e^{at} \sin\left(\frac{\pi}{2}t\right) & \text{per } t \leq 0 \end{cases} \quad (2.2.1)$$

le cui soluzioni, $y(t) = e^{at} \sin\left(\frac{\pi}{2}t\right)$ sono di classe C^∞ in $[-1, +\infty)$.

Concordemente a (2.1.2), per $n = 0, 1, \dots$, risolveremo la ODE

$$\begin{cases} w'_{n+1}(t) = aw_{n+1}(t) - \frac{\pi}{2}e^a x(t-1) & \text{per } t_n \leq t \leq t_{n+1} \\ w_{n+1}(t_n) = y_n \end{cases} \quad (2.2.2)$$

dove

$$x(s) = \begin{cases} \varphi(s) = e^{as} \sin\left(\frac{\pi}{2}s\right) & \text{per } s \leq 0 \\ \eta(s) & \text{per } 0 \leq s \leq t_n. \end{cases}$$

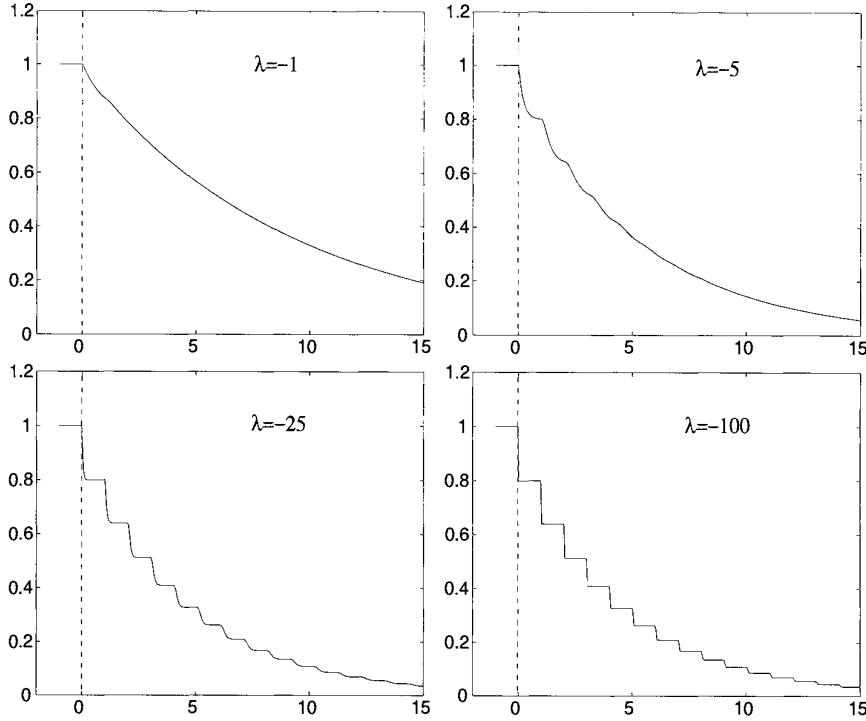
Un'ottima classe di metodi per integrare (2.2.2) è data dalla *collocazione in ν punti Gaussiani*, che possono essere visti come metodi di Runge-Kutta di ν -fasi di ordine 2ν . Dato che essi sono metodi basati su approssimazioni a pezzi di polinomi di grado ν , essi forniscono anche un'estensione continua di $\eta(t)$ con accuratezza uniforme di ordine $\nu + 1$. Perciò, la collocazione Gaussiana si presenta come una stimolante classe di metodi continui per l'integrazione di DDEs come la (2.2.1).

Per $\nu = 1$ il metodo è conosciuto come *regola del punto medio*, e per l'equazione generale (2.1.2) essa prende la forma

$$y_{n+1} = y_n + h f\left(t_n + \frac{h}{2}, \frac{y_n + y_{n+1}}{2}, x\left(t_n + \frac{h}{2} - 1\right)\right). \quad (2.2.3)$$

L'applicazione di (2.2.3) a (2.2.2) con passo d'integrazione costante $h = 1/(m - \delta)$, $m \geq 2$, m intero e $0 \leq \delta < 1$, porta a

$$y_{n+1} = \begin{cases} y_n + h\left(a\frac{y_n + y_{n+1}}{2} - e^{a\frac{\pi}{2}}\varphi\left(t_n + \frac{h}{2} - 1\right)\right) & \text{per } t_n + \frac{h}{2} - 1 \leq 0 \\ y_n + h\left(a\frac{y_n + y_{n+1}}{2} - e^{a\frac{\pi}{2}}\eta\left(t_n + \frac{h}{2} - 1\right)\right) & \text{per } t_n + \frac{h}{2} - 1 > 0 \end{cases}$$

Figura 2.2: Soluzioni di (2.3.1) per alcuni $\lambda < 0$.

dove $\eta(t_n + \frac{h}{2} - 1)$, dato da interpolazione lineare, è

$$\begin{aligned} \eta\left(t_n + \frac{h}{2} - 1\right) &= \eta\left(t_n + \frac{h}{2} - (\mu - \delta)h\right) \\ &= \begin{cases} \left(\frac{1}{2} - \delta\right)y_{n-m} + \left(\delta + \frac{1}{2}\right)y_{n-m+1} & \text{per } 0 \leq \delta \leq \frac{1}{2} \\ \left(\frac{3}{2} - \delta\right)y_{n-m+1} + \left(\delta - \frac{1}{2}\right)y_{n-m+2} & \text{per } \frac{1}{2} < \delta < 1. \end{cases} \end{aligned}$$

Riassumendo, la regola del punto medio per (2.2.1) prende la forma

$$y_{n+1} = \frac{\left(1 + \frac{1}{2}ha\right)y_n - \frac{\pi}{2}he^{a(n+\frac{1}{2})h} \sin\left(\frac{\pi}{2}((n + \frac{1}{2})h - 1)\right)}{1 - \frac{1}{2}ha} \quad (2.2.4)$$

per $n \leq m - \delta - \frac{1}{2}$ e

$$y_{n+1} = \begin{cases} \frac{\left(1 + \frac{1}{2}ha\right)y_n - \frac{\pi}{2}e^a h \left(\left(\frac{1}{2} - \delta\right)y_{n-m} + \left(\delta + \frac{1}{2}\right)y_{n-m+1}\right)}{1 - \frac{1}{2}ha} & \text{per } 0 \leq \delta \leq \frac{1}{2} \\ \frac{\left(1 + \frac{1}{2}ha\right)y_n - \frac{\pi}{2}e^a h \left(\left(\frac{3}{2} - \delta\right)y_{n-m+1} + \left(\delta - \frac{1}{2}\right)y_{n-m+2}\right)}{1 - \frac{1}{2}ha} & \text{per } \frac{1}{2} < \delta < 1 \end{cases} \quad (2.2.5)$$

per $n > m - \delta - \frac{1}{2}$.

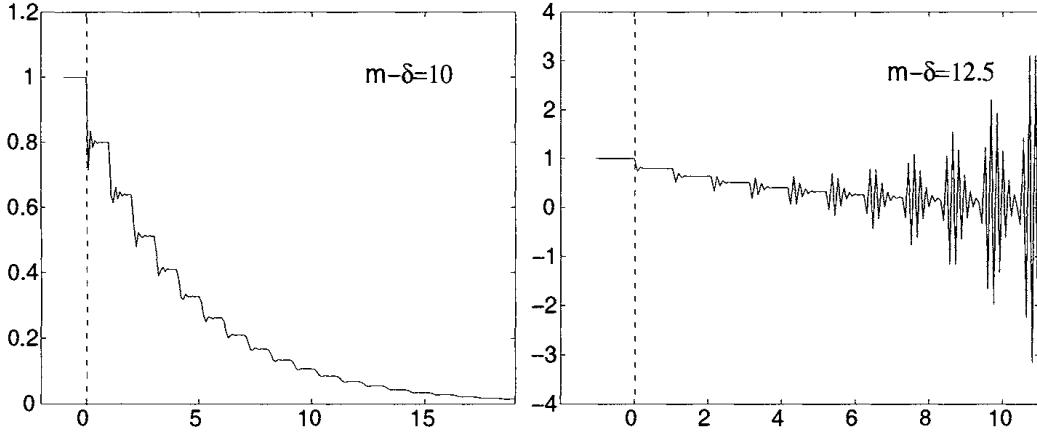


Figura 2.3: Soluzioni numeriche di (2.3.1) con $\lambda = -50$ tramite la regola del punto medio con $h = 1/(m - \delta)$ per valori di $m - \delta$ interi e non interi.

Per $\nu > 1$ il metodo assume una forma molto più complicata che coinvolge la soluzione di sistemi lineari in \mathbb{R}^ν e l'uso di polinomi di grado ν in ogni passo d'integrazione.

2.3 Alcune anomalie di stabilità

Per l'analisi della stabilità dei metodi per le DDEs, consideriamo la classe di equazioni lineari a coefficienti costanti

$$\begin{cases} y'(t) = \lambda y(t) - \frac{4}{5}\lambda y(t-1) & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = 1 & \text{per } t \leq 0 \end{cases} \quad (2.3.1)$$

le cui soluzioni rappresentate in Figura 2.2 per alcuni valori di λ sono *asintoticamente stabili* per ogni $\lambda < 0$, dove per asintoticamente stabile intendiamo che $\lim_{t \rightarrow +\infty} y(t) = 0$.

La regola del punto medio (2.2.3), estesa per interpolazione per l'equazione (2.3.1), prende la forma

$$y_{n+1} = \frac{(1 + \frac{1}{2}h\lambda)y_n - \frac{4}{5}h\lambda}{1 - \frac{1}{2}h\lambda}$$

per $n \leq m - \delta - \frac{1}{2}$ e

$$y_{n+1} = \begin{cases} \frac{(1 + \frac{1}{2}h\lambda)y_n - \frac{4}{5}h\lambda((\frac{1}{2}-\delta)y_{n-m} + (\delta+\frac{1}{2})y_{n-m+1})}{1 - \frac{1}{2}h\lambda} & \text{per } 0 \leq \delta \leq \frac{1}{2} \\ \frac{(1 + \frac{1}{2}h\lambda)y_n - \frac{4}{5}h\lambda((\frac{3}{2}-\delta)y_{n-m+1} + (\delta-\frac{1}{2})y_{n-m+2})}{1 - \frac{1}{2}h\lambda} & \text{per } \frac{1}{2} < \delta < 1 \end{cases} \quad (2.3.2)$$

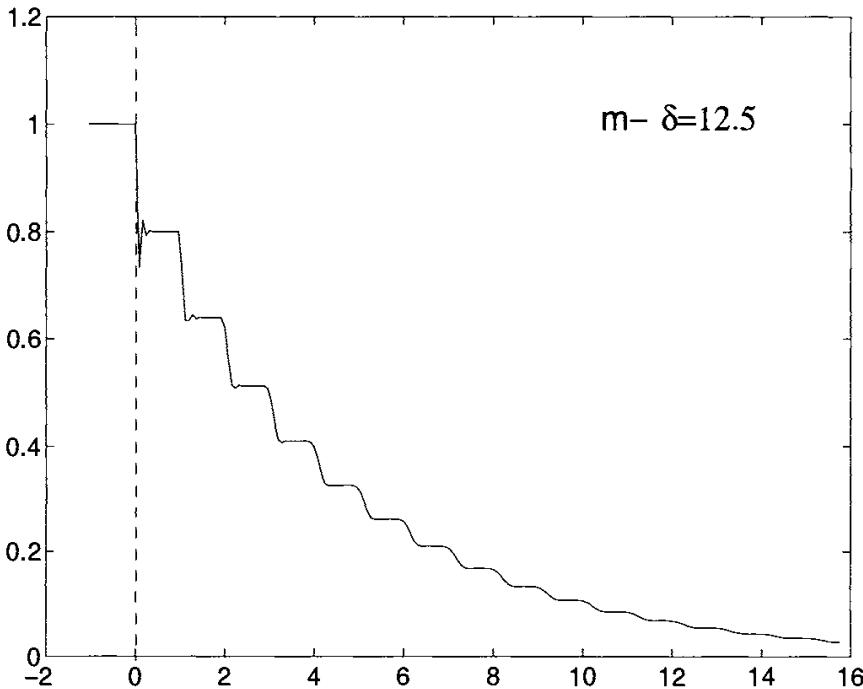


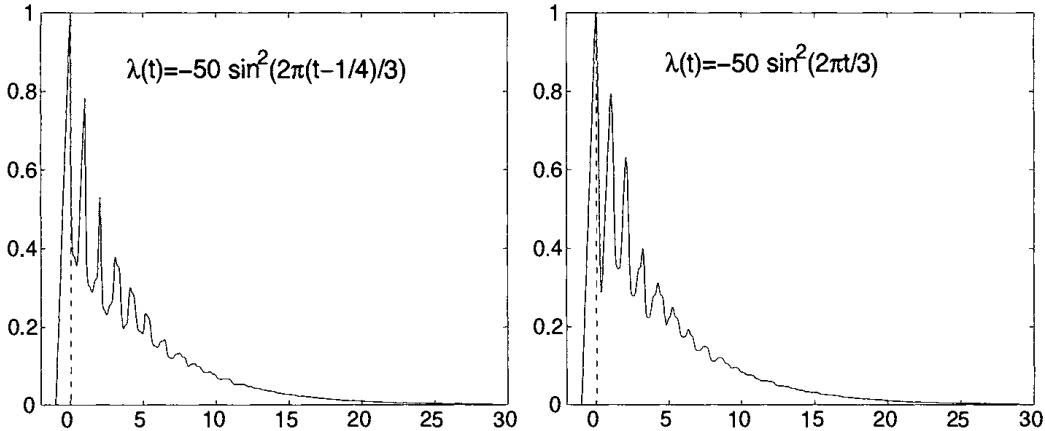
Figura 2.4: Soluzione numerica dell'equazione (2.3.1) con $\lambda = -50$ tramite la regola dei trapezi con $m - \delta = 12.5$.

per $n > m - \delta - \frac{1}{2}$.

È ben noto che la regola del punto medio è *A-stabile*, cioè per tutte quelle equazioni $y' = \lambda y$, $\Re(\lambda) < 0$, esso fornisce soluzioni che si annullano asintoticamente per ogni passo di integrazione $h > 0$. Poiché le soluzioni di (2.3.1) sono asintoticamente stabili per ogni $\lambda < 0$, ci aspetteremmo lo stesso comportamento per la soluzione numerica fornita dalla regola del punto medio indipendentemente dal passo h . Tuttavia, mentre l'applicazione di (2.3.2) fornisce soluzioni numeriche stabili di (2.3.1) ogni qual volta $m - \delta$ è un intero ($\delta = 0$), sorprendentemente, valori non interi di $m - \delta$ possono produrre instabilità numerica. La Figura 2.3 mostra le soluzioni numeriche di (2.3.1) con $\lambda = -50$, date da (2.3.2) per $m - \delta = 10$ e $m - \delta = 12.5$. Nonostante l'ultima sia ottenuta con un passo d'integrazione più piccolo, essa si comporta in maniera instabile.

Ora consideriamo un altro metodo A-stabile molto conosciuto, ovvero la cosiddetta *regola dei trapezi*, che per la generica equazione (2.1.2) è

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{2} \left(f(t_n, y_n, x(t_n - 1)) + f(t_{n+1}, y_{n+1}, x(t_{n+1} - 1)) \right). \quad (2.3.3)$$

Figura 2.5: Soluzioni dell'equazione (2.3.5) per qualche $\lambda(t) \leq 0$.

L'applicazione di (2.3.3) a (2.3.1) con passo costante $h = 1/(m - \delta)$, m intero, $m \geq 2$, $0 \leq \delta < 1$ e interpolazione lineare fra i punti nodali, ci fornisce

$$y_{n+1} = \frac{(1 + \frac{1}{2}h\lambda)y_n - \frac{4}{5}h\lambda}{1 - \frac{1}{2}h\lambda}$$

per $n \leq m - 2$,

$$y_{n+1} = \frac{(1 + \frac{1}{2}h\lambda)y_n - \frac{1}{2}h\frac{4}{5}\lambda(2 - \delta + \delta y_1)}{1 - \frac{1}{2}h\lambda}$$

per $n = m - 1$ e

$$y_{n+1} = \frac{(1 + \frac{1}{2}h\lambda)y_n - \frac{1}{2}h\frac{4}{5}\lambda((1 - \delta)y_{n-m} + y_{n-m-1} + \delta y_{n-m+2})}{1 - \frac{1}{2}h\lambda} \quad (2.3.4)$$

per $n \geq m$.

A differenza della regola del punto medio, la regola dei trapezi fornisce soluzioni stabili anche per passi di integrazione che non sono sottomultipli del ritardo. La Figura 2.4 ci illustra il comportamento della soluzione di (2.3.4) per $\lambda = -50$ e $m - \delta = 12.5$ dove la regola del punto medio fallisce.

Sebbene la regola dei trapezi appaia molto più consistente della regola del punto medio per DDEs lineari a coefficienti costanti, si può mostrare che esse sono entrambe inadeguate per la più grande classe di DDEs lineari a coefficienti variabili, anche considerando valori interi di $m - \delta$.

Tralasciando dettagli matematici e numerici, per illustrare questa ulteriore discrepanza fra i metodi applicati alle ODEs e alle DDEs, consideriamo

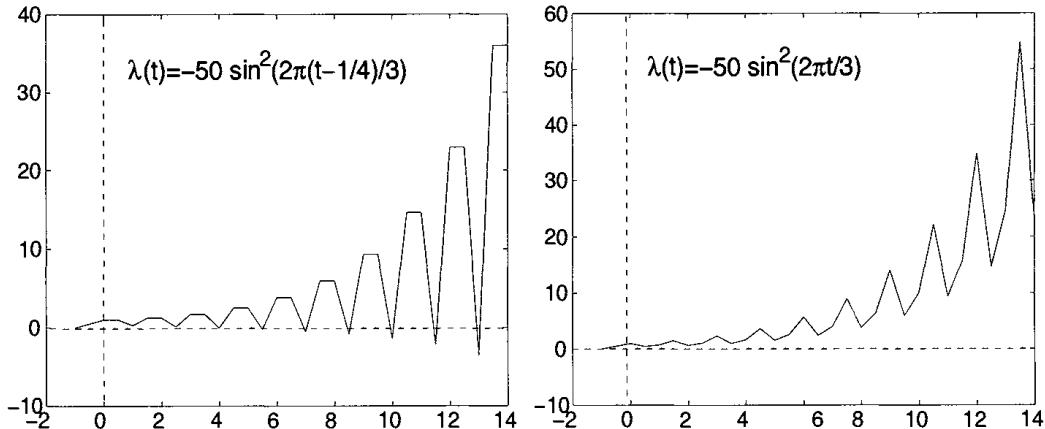


Figura 2.6: Soluzioni numeriche dell'equazione (2.3.5) per qualche $\lambda(t) \leq 0$, ottenute tramite la regola del punto medio (sinistra) e la regola dei trapezi (destra) con valore intero di $m - \delta = 2$.

l'equazione:

$$\begin{cases} y'(t) = \lambda(t)y(t) - \frac{4}{5}\lambda(t)y(t-1) & \text{per } t \geq 0 \\ y(t) = t + 1 & \text{per } t \leq 0 \end{cases} \quad (2.3.5)$$

con $\lambda(t) = -50 \sin^2(\frac{2\pi}{3}(t - \frac{1}{4}))$, oppure con $\lambda(t) = -50 \sin^2(\frac{2\pi t}{3})$, le cui soluzioni, raffigurate in Figura 2.5, sono asintoticamente stabili e le si confrontino graficamente con le soluzioni numeriche ottenute tramite l'applicazione della regola dei trapezi e della regola del punto medio con $m - \delta$ intero (Figura 2.6).

Capitolo 3

Modellistica con ritardo per il COVID-19

Come originale impiego degli strumenti matematici acquisiti nella prima parte, analizzeremo ora il brillante articolo “*The hidden side of COVID-19 spread in Italy*” di Luigi Brugnano, Felice Iavernaro e Paolo Zanzottera [2], focalizzando la nostra attenzione sull’efficiente impiego della teoria relativa alle DDEs da parte dei suddetti autori.

L’articolo riguarda la pandemia SARS-CoV2 (COVID-19) che, a partire dalla fine di Febbraio 2020, ha cominciato a diffondersi lungo la penisola Italiana, in un primo momento colpendo piccole comunità nelle regioni del Nord e, successivamente, si è estesa al Centro e al Sud Italia, includendo le due principali isole.

Come obiettivo principale esso si pone la creazione di un modello di previsione — utilizzando i dati riguardanti la prima ondata del virus che ha flagellato la nostra nazione — che provveda ad allertare gli organi decisionali e, in particolare il sistema sanitario, per impedire una situazione d’emergenza derivante dallo scoppio di una qualsiasi pandemia, o l’arrivo di successive ondate pandemiche.

È fornito pertanto un nuovo modello matematico per descrivere la pandemia. Esso include la classe di persone infette a cui non è stata diagnosticata l’infezione e ha un’estensione multi-regionale per poter fronteggiare l’eterogeneità spaziale e temporale con cui si presenta la pandemia.

Si è dunque ottenuto, come risultato, un solido e affidabile strumento per la previsione dei casi totali attivi, che può anche essere usato per simulare diversi scenari.

In base allo studio condotto nell’articolo, si è in grado di affrontare un vario numero di problemi legati alla pandemia, come la valutazione di adottare

il “Lockdown”¹ in Italia, iniziato dall’11 Marzo 2020, e come impiegare una rapida campagna di tests di screening per contenere l’epidemia.

3.1 Scenario pandemico in Italia

Il virus SARS-CoV2 ha colpito l’Italia per la prima volta alla fine di Febbraio 2020: dopo il primo paziente diagnosticato positivo all’infezione a Codogno (Lodi, Lombardia) il 21 Febbraio, il virus si è diffuso molto rapidamente nella penisola Italiana, particolarmente in Lombardia e in Nord Italia. La sindrome di acuto disagio respiratorio e le conseguenze del COVID-19 hanno messo sotto stress il sistema sanitario nazionale. La prima fase dell’epidemia è stata caratterizzata da un vasto numero di pazienti con condizioni gravi o critiche che ha congestionato gli ospedali della Lombardia, particolarmente nelle province di Lodi, Bergamo e Brescia. Anche le vicine province della regione Emilia Romagna sono state duramente colpite: gli ospedali delle province di Piacenza e Parma hanno avuto grandi difficoltà nella gestione dei pazienti affetti da COVID-19. L’infezione si è diffusa nelle regioni circostanti l’epicentro di Lodi, ma il governo Italiano ha chiuso la nazione in maniera progressiva: inizialmente è stata creata una zona rossa attorno a Lodi; successivamente l’intera Lombardia è stata dichiarata zona rossa; infine, l’11 Marzo 2020 ogni regione è stata chiusa.²

In Italia, la diffusione del COVID-19 non è stata omogenea: in effetti, nel Nord il virus si è diffuso prima del Lockdown e un enorme numero di persone ha contratto il virus, mentre nelle regioni del Centro, del Sud e nelle isole (Sicilia e Sardegna) hanno avuto un minor numero di casi e, per questo, sono state capaci di gestire il disagio. Queste differenze regionali sono state amplificate dalla misura del Lockdown nel paese.

Una diffusione non omogenea del COVID-19 si è verificata anche in altri paesi; laddove essa si è manifestata in aree con un’alta densità di residenti e con un’alta mobilità, i risultati sono stati drammatici, come è successo in Lombardia e nell’area metropolitana di grandi città come Madrid, Londra e New York. In questi casi, dove la diffusione esplode in una grande onda pandemica, è fondamentale la capacità di resilienza e resistenza del sistema sanitario.

Per tali ragioni, il modello che si presenta, denominato SI₂R₂, è un modello multi-regionale che prende in considerazione la diffusione non omogenea

¹Vedi nota 2.

²Più dettagliatamente, a partire dal 10 Marzo è stato proibito il passaggio da una regione ad un’altra, e ogni attività non essenziale è stata sospesa dall’11 Marzo.

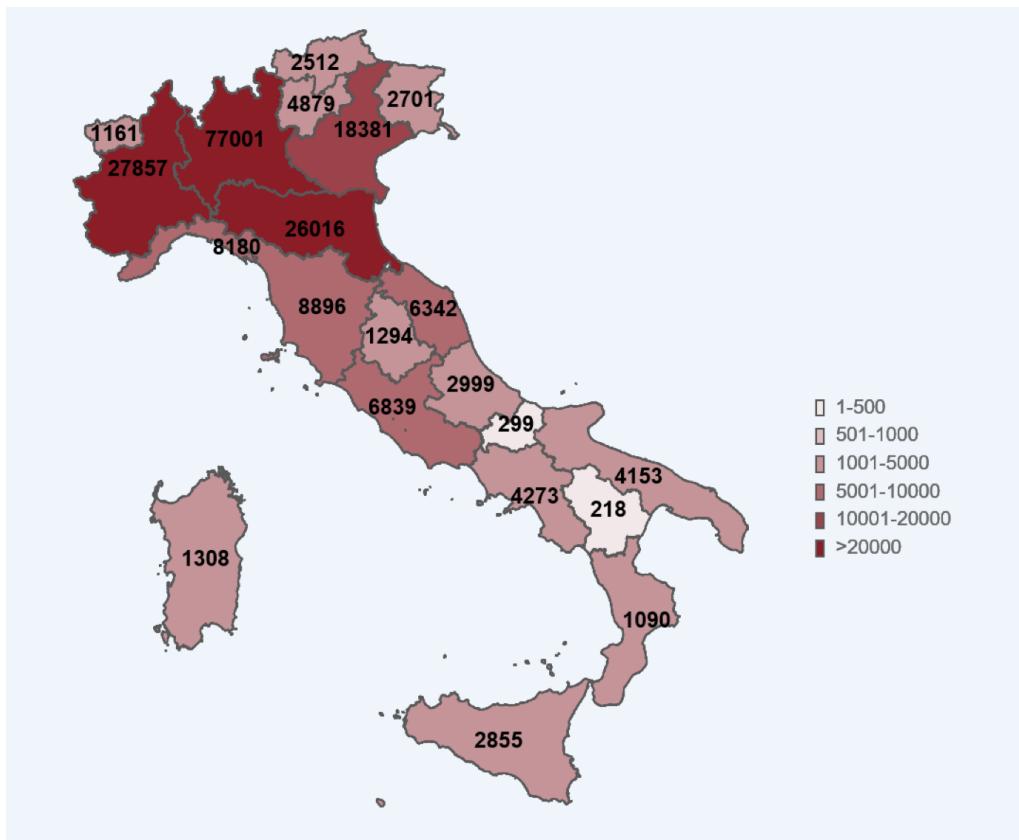


Figura 3.1: Casi di COVID-19 nelle differenti regioni Italiane, in data 4 Maggio 2020 (fonte Istituto Superiore di Sanità).

dell'infezione. La Figura 3.1 mostra l'enorme differenza tra regioni nella diffusione del SARS-CoV2 lungo tutto il paese.

Il periodo d'incubazione del COVID-19 è abbastanza lungo: per tale ragione, quando il primo paziente non importato dalla Cina è stato diagnosticato positivo in Lombardia il 21 Febbraio, il virus SARS-CoV2 si era già diffuso nelle più popolose regioni Italiane. L'infezione circolava sin dall'inizio di Febbraio in Italia, come è dimostrato dai dati iniziali rilasciati dall'Istituto Nazionale di Sanità. Una volta diagnosticati positivi al COVID-19 mediante i test, è stato chiesto ai pazienti quando essi avessero avvertito i primi sintomi e i dati iniziali sono riportati sul grafico di Figura 3.2. In effetti, non si è mai parlato in Italia del paziente zero, ma si è sempre discusso al minimo del paziente uno.

Per tale ragione, il sistema sanitario Italiano, così come i sistemi sanitari di altre nazioni europee come Spagna, Francia, UK e Belgio, non erano preparati per gestire la prima ondata epidemica in Europa. L'evoluzione della malattia

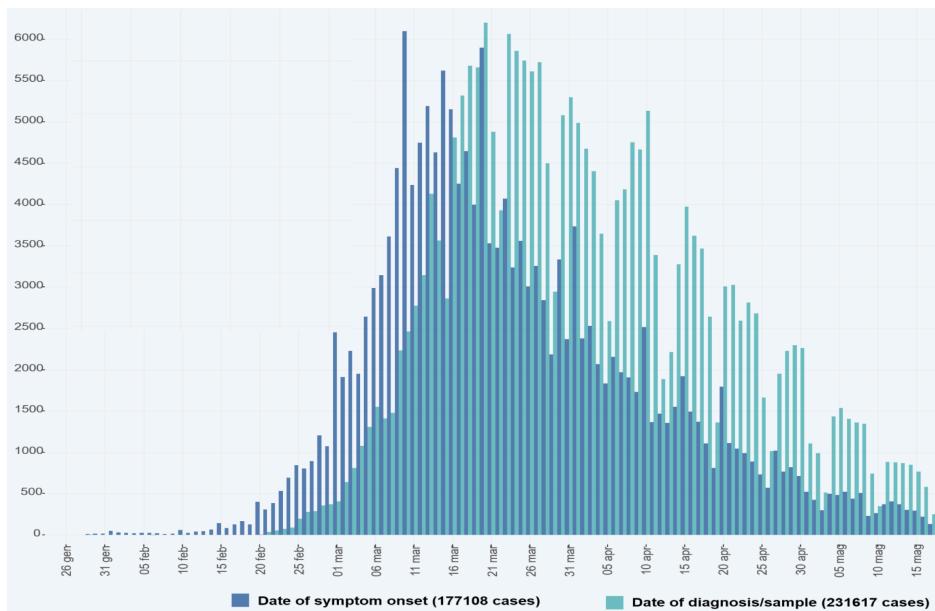


Figura 3.2: Diagnosi e comparsa dei sintomi per i pazienti in Italia (fonte Istituto Superiore di Sanità) [3].

COVID-19 è piuttosto lunga: trascorrono diversi giorni tra l'aver contratto il virus e i primi sintomi, fino all'ospedalizzazione e, quindi, fino alla guarigione o addirittura alla morte. I casi più rapidi richiedono comunque più di una settimana e molti altri casi presentano un decorso della malattia di diverse settimane di ospedalizzazione.

È impossibile sottoporre in breve tempo l'intera popolazione di un paese a tests che verifichino la presenza del virus SARS-CoV2. Soprattutto, all'inizio dell'epidemia, i tests erano pochi. Una grande parte della popolazione ha contratto il virus, ma non è stata inclusa nelle statistiche dei *casi positivi*: sia per la presenza di persone asintomatiche, sia per la difficoltà di sottoporre a tests, visto la scarsa quantità, persone con chiari sintomi del COVID-19. Un sistema sanitario deve essere preparato in futuro per testare centinaia di migliaia di persone ogni giorno. I tests di rilevamento del virus sono molto importanti, anzi fondamentali per combattere il virus, così da poter rintracciare gli individui positivi, isolargli e di conseguenza contenere la diffusione dell'infezione.

La mancanza di posti letto in terapia intensiva e di dispositivi medici come ventilatori polmonari o persino l'ossigeno, ha amplificato l'impatto del COVID-19 nella maggior parte delle aree colpite. A tutto ciò va aggiunta la carenza di un adeguato numero di medici, infermieri e personale sanitario; cosa ancor più grave, in alcuni casi, non era loro disponibile nemmeno l'equipaggiamento per

la protezione personale. Tutto ciò, combinato con il fatto che il COVID-19 è una nuova malattia, poco conosciuta anche in campo medico, ha accresciuto il tasso di mortalità, particolarmente nelle aree più colpite dal virus. La preparazione del sistema sanitario è pertanto decisiva sia per il contenimento del virus, sia per salvaguardare le persone dagli effetti più dannosi causati dalla malattia. La creazione di un modello di previsione che provveda ad allertare gli organi decisionali e, in particolare, il sistema sanitario, è perciò decisivo per impedire la situazione d'emergenza derivante dallo scoppio di una qualsiasi pandemia, o l'arrivo di successive ondate pandemiche.

Il modello matematico SI_2R_2 è stato introdotto per questa ragione, e ha dimostrato di essere capace di predire l'andamento dei casi positivi con un'accuratezza maggiore del 90%, con un anticipo di 3 settimane. Avendo più di 20 giorni per potersi prepararsi alla gestione di eventuali altre pandemie, anche a livello regionale e locale, è essenziale disporre mirate misure di contenimento al momento giusto. Basato su una estensione delle classiche equazioni SIR [4], il modello proposto prende la forma di un sistema di equazioni differenziali con ritardo — DDEs — che incorpora la classe degli *individui infetti non diagnosticati*: questi individui sono i veri responsabili della diffusione del virus durante il loro periodo di infettività, cioè il periodo in cui possono infettare altre persone, a meno che essi non siano individuati per qualche ragione e pertanto messi in quarantena. All'interno di questa classe ci sono individui asintomatici e paucisintomatici, oltre a persone infette pre-sintomatiche, considerando che una porzione significativa di trasmissione avviene prima che le persone hanno sviluppato i sintomi [5]. Per tenere conto del ritardo tra la contrazione dell'infezione, la manifestazione dei sintomi e il rilevamento oggettivo dell'infezione, nelle equazioni è stato introdotto un ritardo τ , il quale rende il sistema risultante ben strutturato per essere coerente con i dati raccolti. Per di più, per tener conto dell'eterogeneità della diffusione dell'epidemia nello spazio e nel tempo, la penisola Italiana è stata suddivisa in quattro macro-aree ed è stato introdotto nelle equazioni un ulteriore termine per poter considerare l'effetto di una possibile migrazione da un'area ad un'altra, dato che un flusso incontrollato di persone, seppur piccolo, potrebbe causare il manifestarsi di una nuova fonte d'infezione in una zona incontaminata.

Il modello matematico qui considerato cerca di coinvolgere il minimo numero di variabili e parametri al fine di ridurre il rischio di ridondanze (esistenza di soluzioni multiple) e, allo stesso tempo, di provvedere a fornire uno strumento di previsione realistico e affidabile dal punto di vista computazionale. Tra le altre caratteristiche, questo modello è capace di predire la reale porzione di persone infette (tasso di attacco), così da poter delineare i possibili benefici di un Lockdown e così da poter valutare a quali categorie estendere rapidi

tests di controllo al fine di mitigare il rischio di una futura escalation di infezioni.

Fatte tali premesse, l'articolo è strutturato come segue: nel Paragrafo 3.2 è presentato il modello SI_2R_2 e la sua estensione multi-regionale ($mrSI_2R_2$); nei Paragrafi 3.3 e 3.4 si riporta lo studio di un numero di applicazioni del modello alla diffusione dell'epidemia in Italia e si chiude il Capitolo con alcune considerazioni finali.

3.2 Modello SI_2R_2

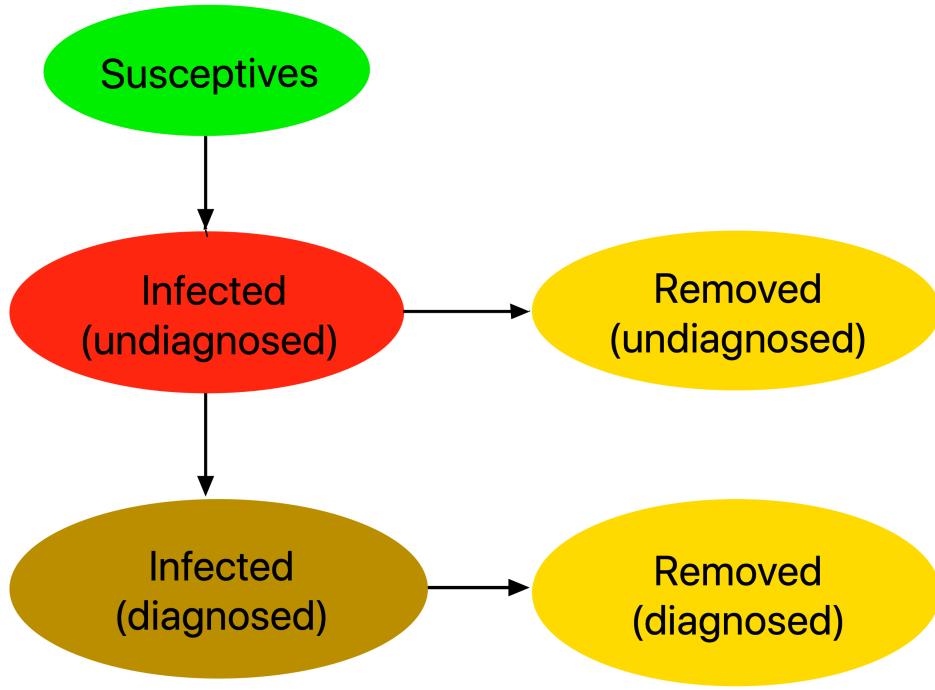
Nel caso di una singola regione, dividiamo la popolazione nelle seguenti 5 classi:

- S:* *Individui suscettibili*, ovvero persone sane circolanti che vengono a contatto con persone infette e, perciò, possono contrarre il virus;
- I₁:* *Individui infetti non diagnosticati*, ovvero la sottoclasse di persone infette che possono diffondere la malattia (vettori);
- I₂:* *Individui infetti diagnosticati*, ovvero la sottoclasse di persone infette che sono state riscontrate positive al COVID-19 dopo uno specifico test e, perciò, messe in quarantena;
- R₁:* *Individui rimossi non diagnosticati*, ovvero persone guarite spontaneamente provenienti dalla classe I₁;
- R₂:* *Individui rimossi diagnosticati*, ovvero o persone guarite o persone decedute provenienti dalla classe I₂;

Essere guariti dalla malattia sembra fornire una sorta di immunità [6], [7], pertanto le persone guarite non sono più considerate suscettibili. Il diagramma in Figura 3.3 delucida le interazioni possibili fra le suddette classi che definiscono il modello SI_2R_2 .³

Occorre un'osservazione che riguarda la definizione di individui suscettibili (classe *S*). Contrariamente con quanto è usualmente fatto in letteratura, il valore iniziale di *S* è lasciato come parametro incognito. Il suo valore deve essere determinato durante la procedura di ottimizzazione, che stima l'insieme dei parametri coinvolti al fine di approssimare i dati osservati il più possibile. Questa scelta è essenzialmente fatta per due importanti ragioni:

³L'acronimo SI_2R_2 deriva dalle 5 classi sopra elencate.

Figura 3.3: Interazioni fra le classi del modello SI_2R_2 .

- da un lato, l'ipotesi secondo cui la popolazione sia soggetta a una forma di omogenea mescolanza assunta nei più generali modelli epidemici, non è evidentemente coerente con il contesto adottato: come sottolineato in precedenza, fonti locali di infezione si sono dapprima diffuse nelle aree limitrofe, così che il numero di persone sane che sono venute a contatto con il virus è stato lontano dall'essere uguale al numero dell'intera popolazione durante la prima fase di diffusione dell'epidemia;
- dall'altro, la scelta si riflette nell'obiettivo finale di adottare misure di distanziamento sociale, come un Lockdown, dove le persone sono isolate per prevenire possibili contatti con il virus. Con questa considerazione, occorre sottolineare che in alcune regioni la diffusione è stata confinata in piccole aree e, perciò, non ha coinvolto l'intera popolazione.

Da qui in avanti, al fine di mantenere una notazione più semplice possibile, adotteremo le seguenti corrispondenze formali fra le classi precedentemente definite e le variabili che descrivono la loro numerosità:

$$\begin{aligned}
 \text{Individui suscettibili } S &\mapsto x \\
 \text{Individui infetti non diagnosticati } I_1 &\mapsto y_1 \\
 \text{Individui infetti diagnosticati } I_2 &\mapsto y_2
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{Individui rimossi non diagnosticati } R_1 &\longmapsto z_1 \\ \text{Individui rimossi diagnosticati } R_2 &\longmapsto z_2 \end{aligned}$$

Il modello SI₂R₂ è quindi descritto dalle seguenti equazioni,

$$\begin{cases} x'(t) = -\frac{\beta}{N}x(t)y_1(t) \\ y'_1(t) = \frac{\beta}{N}x(t)y_1(t) - \sigma y_1(t-\tau)s_+(y_1(t)) - \gamma_1 y_1(t) \\ y'_2(t) = \sigma y_1(t-\tau)s_+(y_1(t)) - \gamma_2 y_2(t) \\ z'_1(t) = \gamma_1 y_1(t) \\ z'_2(t) = \gamma_2 y_2(t) \end{cases} \quad (3.2.1)$$

dove:

- β è il *coefficiente del tasso di infezione*;
- γ_1 e γ_2 sono i *coefficienti di rimozione* delle classi y_1 e y_2 rispettivamente;
- σ è la *probabilità dell'individuazione di persone infette* per mezzo della campagna di tests di screening;
- τ è il *tempo di ritardo*, e denota il tempo intercorrente tra la contrazione dell'infezione e il rilevamento oggettivo della malattia, per esempio dopo la manifestazione dei sintomi o dopo una procedura di tracciamento dei contatti;
- $s_+(y_1(t)) = \begin{cases} 1 & \text{se } y_1(t) > 1 \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$

è un fattore che impedisce alla corrispondente componente, la soluzione $y_1(t)$, di diventare negativa.

Considerando che la somma dei membri destri in (3.2.1) si annulla, otteniamo la seguente proprietà di conservazione

$$x(t) + y_1(t) + y_2(t) + z_1(t) + z_2(t) \equiv N \quad (3.2.2)$$

ovvero il numero totale di individui considerati nel modello, che rimane costante nel tempo.

Tutti i parametri sopra elencati sono stati lasciati liberi, con l'eccezione del coefficiente di rimozione γ_1 e il tempo di ritardo τ , che invece sono stati attinti dalla letteratura. I parametri rimanenti sono stati introdotti al fine di assicurare un'approssimazione realistica e ottimale con i dati osservati, impiegando una procedura di ottimizzazione globale. La ragione per cui si

è fissato a priori γ_1 è che, altrimenti, si sarebbe dovuto avere a che fare con un certo numero di parametri di ridondanza e, conseguentemente, il modello apparirebbe non localmente identificabile. Con ciò s'intende che potrebbero essere selezionate differenti configurazioni dei parametri, seppur simili, che presenterebbero essenzialmente la stessa accuratezza nell'approssimare i dati osservati. Sulla base dei risultati riportati in [8] è conveniente calibrare γ_1 come segue,

$$\gamma_1 = 4.3 \cdot 10^{-2} d^{-1} \approx (23 d)^{-1} \quad (3.2.3)$$

dove d sta per *giorni*. Per quanto riguarda la scelta del tempo di ritardo τ , l'analisi è stata limitata solo agli individui sintomatici, e considerando due contributi additivi: il periodo d'infettività prima di sviluppare sintomi, più il tempo intercorso tra i primi sintomi e la diagnosi. I loro valori principali sono stati dedotti da [5] e dai dati disponibili in [9], rispettivamente, e li si sono sintetizzati nella scelta $\tau = 10 d$. La Figura 3.2 esplicita in maniera più evidente la questione. Essa riporta diagrammi a barre sulle date dei primi sintomi (barre blu scuro) e sulle date delle diagnosi (barre blu scuro). Dalla rappresentazione si nota che il picco dei primi sintomi si è verificato il 10 Marzo, l'ultimo giorno prima che l'Italia adottasse la restrittiva misura del Lockdown. Il numero di persone riscontrate positive ai tests di diagnosi si è accresciuto per 10 giorni prima di invertire il trend.⁴

In linea di principio, dovrebbero essere aggiunti un paio di giorni a questo tempo di ritardo, tenendo conto del periodo do infettività prima di sviluppare i sintomi [5]. Tuttavia si è mantenuto il valore $\tau = 10 d$ considerando che: a) una certa percentuale di persone infette è stata diagnosticata positiva prima che si verificassero i sintomi; b) i risultati ottenuti usando valori tra loro vicini di τ si sono mostrati essere molto simili.

Per tenere conto della natura eterogenea della diffusione del COVID-19 lungo la penisola Italiana (vedere, per esempio, i dati in Figura 3.1 o le pagine web [11], [9], [12]), si è costruita un'estensione multi-regionale del modello base (3.2.1). Più in dettaglio, assumendo di aver diviso la nazione in r regioni, la versione multi-regionale di (3.2.1) si legge:

$$\begin{cases} x'_i(t) = -\frac{\beta}{N_i} x_i(t) y_{i1}(t) + \sum_{j=1}^r \varrho_{ij} x_j(t) \\ y'_{i1}(t) = \frac{\beta}{N_i} x(t) y_{i1}(t) - \sigma_i y_{i1}(t - \tau) s_+(y_{i1}(t)) - \gamma_{i1} y_{i1}(t) + \sum_{j=1}^r \varrho_{ij} y_{j1}(t) \\ y'_{i2}(t) = \sigma_i y_{i1}(t - \tau) s_+(y_{i1}(t)) - \gamma_{i2} y_{i2}(t) + \sum_{j=1}^r \varrho_{ij} z_{j1}(t) \\ z'_{i1}(t) = \gamma_{i1} y_{i1}(t) \\ z'_{i2}(t) = \gamma_{i2} y_{i2}(t) \end{cases} \quad (3.2.4)$$

⁴Questo tempo di accrescimento dei positivi è coerente anche con i dati regionali italiani [10].

per $i = 1, \dots, r$, dove x_i , y_{i1} , y_{i2} , z_{i1} , z_{i2} , β_i , σ_i , γ_{i1} , γ_{i2} sono correlati alla regione i -esima, e sono definiti come per il modello (3.2.1). Come in precedenza, impostiamo $\gamma_{i1} = \gamma_1$ come in (3.2.3). Osserviamo che

$$N_i := N_i(t) = x_i(t) + y_{i1}(t) + y_{i2}(t) + z_{i1}(t) + z_{i2}(t) \quad i = 1, \dots, r$$

è il numero (dipendente dal tempo) di individui nella i -esima regione, mentre i coefficienti di migrazione ϱ_{ij} soddisfano

$$\varrho_{ij} \geq 0, \quad i \neq j, \quad \sum_{i=1}^r \varrho_{ij} = 0 \quad (3.2.5)$$

dovuto al fatto che ϱ_{ij} , $i \neq j$, è il coefficiente di migrazione da una regione j alla regione i . Osserviamo che per (3.2.5), la somma di tutti i membri destri in (3.2.4) risulta nulla. Conseguentemente si deduce che

$$N := \sum_{i=1}^r N_i(t) \equiv const \quad (3.2.6)$$

che rappresenta l'analogo di (3.2.2) per l'estensione multi-regionale del modello.

Tenendo conto degli obiettivi da conseguire, l'Italia è stata suddivisa nelle seguenti $r = 4$ macro-regioni, considerando le fasi iniziali dell'epidemia e la geografia:

- Lombardia;
- Nord, che include: Emilia Romagna, Friuli-Venezia Giulia, Liguria, Piemonte, Trentino-Alto Adige, Valle d'Aosta, Veneto;
- Centro, che include: Abruzzo, Lazio, Marche, Toscana, Umbria;
- Sud (e le isole), che include: Basilicata, Calabria, Campania, Molise, Puglia, Sardegna, Sicilia.

3.3 Risultati numerici

A partire dal 24 Febbraio 2020 (giorno iniziale $t_0 = 0$), il numero $y_{i2}(t_n)$ di casi attivi diagnosticati e il numero $z_{i2}(t_n)$ di rimossi diagnosticati = individui guariti + individui deceduti al giorno t_n , pubblicati su base quotidiana dal Dipartimento della Protezione Civile Italiana [11], è stato utilizzato per calibrare i parametri del modello (3.2.4) con l'intento di approssimare i dati

nella i -esima macro-regione. La procedura di approssimazione, implementata con l'aiuto del toolbox⁵ di ottimizzazione di Matlab è stata suddivisa in tre fasi:

- (a) In primo luogo, in ciascuna macro-regione, si sono approssimati i corrispondenti casi totali $y_{i2}(t_n) + z_{i2}(t_n)$, dati dai casi attivi diagnosticati e le persone rimosse diagnosticate. Sommando la terza e l'ultima equazione in (3.2.4), osserviamo che il coefficiente di rimozione γ_{i2} non è coinvolto esplicitamente in questa fase. Per di più si sono impostati a zero i coefficienti di migrazione, i.e., in questo studio iniziale si sono trascurati i flussi di movimento tra regioni;
- (b) nella seconda fase di ottimizzazione si sono adattate le componenti della soluzione $y_{i2}(t_n)$ (casi positivi attivi) e $z_{i2}(t_n)$ (individui rimossi, guariti o deceduti) nella i -esima macro-regione ai dati osservati, calibrando appropriatamente il coefficiente di rimozione γ_{i2} ;
- (c) infine, un ulteriore miglioramento è stato ottenuto facendo entrare in gioco i coefficienti di migrazione in (3.2.4).

La motivazione per cui si è adottato questo approccio è di sfruttare al meglio il grado di regolarità dei dati e rendere il risultante algoritmo di minimizzazione più efficiente. Infatti, in ogni macro-regione, i casi totali esibiscono una distribuzione temporale più regolare e perciò, nell'esecuzione della fase (a), essi giocano un ruolo più importante nella calibrazione di tutti i parametri liberi con l'eccezione di γ_{i2} .

Il compito di suddividere il numero di casi totali nelle due classi di casi positivi attivi $y_{i2}(t_n)$, e di casi rimossi $z_{i2}(t_n)$ è assegnato alla fase (b). Qui, i dati mostrano un comportamento molto più irregolare, specialmente in Lombardia, dovuto probabilmente all'indecisione umana manifestatasi nella valutazione di considerare un individuo infetto completamente guarito. In realtà, in alcuni giorni specifici è possibile osservare il passaggio di un grande numero di casi positivi attivi a guariti. Ciò è essenzialmente dovuto ai criteri adottati in Italia con cui si sono valutati non più rilevanti ai fini dell'infezione i pazienti affetti da COVID-19. Per tale ragione, i coefficienti γ_{i2} sono stati considerati costanti a tratti su intervalli temporali di lunghezza di — almeno — 30 d.

⁵È importante menzionare anche che l'integrazione numerica delle equazioni con ritardo (3.2.4) è stata eseguita impiegando un metodo Gauss-Legendre Runge-Kutta di alto ordine, utilizzato come metodo spettrale nel tempo [13], che ha permesso di ridurre considerevolmente il costo computazionale della procedura, in particolare è stato importante l'uso della funzione dde23 di Matlab.

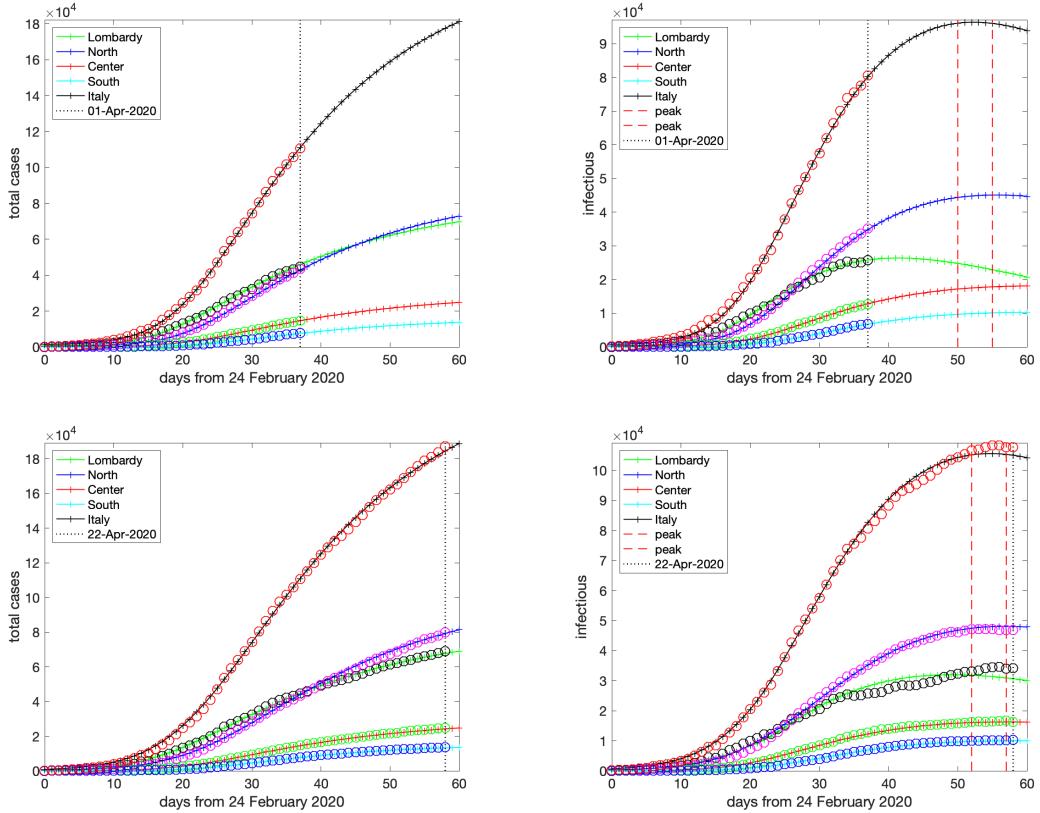


Figura 3.4: Previsioni per i casi totali (figure di sinistra) e i casi attivi diagnosticati (figure di destra) corrispondenti ai giorni 1 e 22 Aprile 2020, rispettivamente.

Infine, la fase **(c)** ha raffinato ulteriormente l'approssimazione della soluzione ai dati: essa ha giocato un ruolo significativo durante i giorni appena antecedenti al Lockdown in cui si è verificato che un considerevole numero di lavoratori e studenti, nativi del Sud Italia, hanno lasciato le regioni del Nord per evitare le restrizioni di quarantena imposte dal governo Italiano.

I risultati inerenti all'intero paese sono stati ottenuti sommando quelli in ciascuna macro-regione. Per questo scopo, d'ora in poi, definiamo:

$$x(t) = \sum_{i=1}^4 x_i(t), \quad y_j(t) = \sum_{i=1}^4 y_{ij}(t), \quad z_j(t) = \sum_{i=1}^4 z_{ij}(t), \quad j = 1, 2 \quad (3.3.1)$$

che rappresentano le 5 classi del modello su scala nazionale.

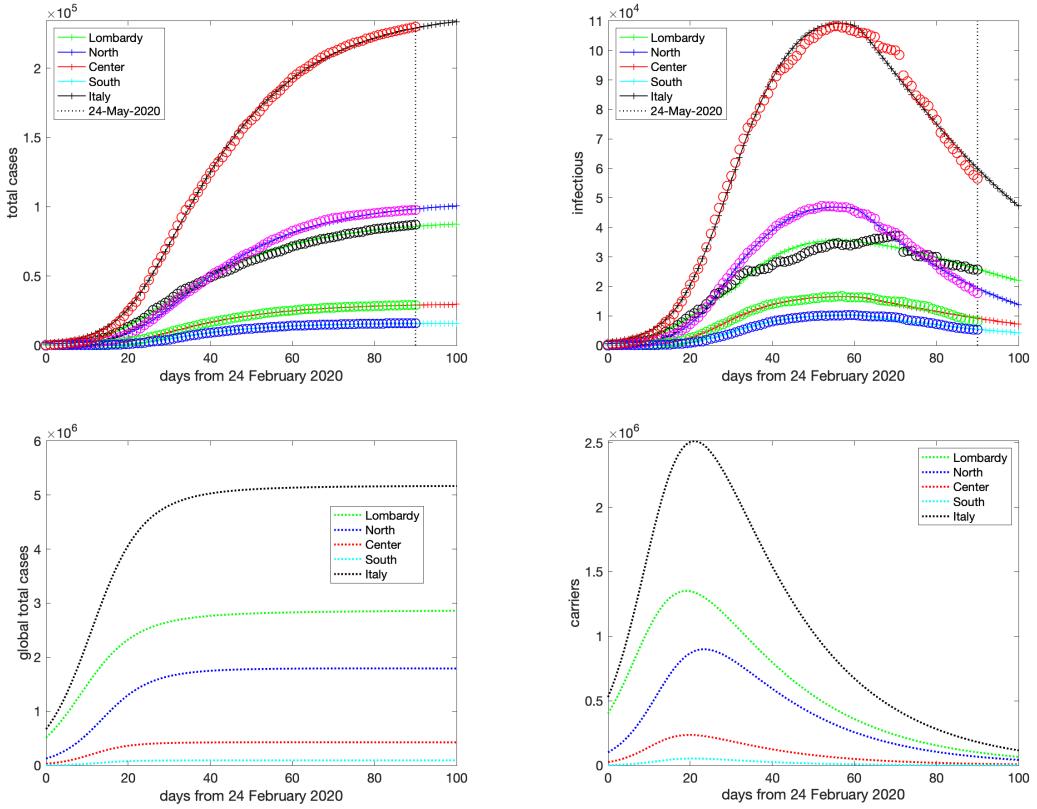


Figura 3.5: Grafici Superiori: dati simulati e reali corrispondenti al 24 Maggio 2020 (giorno 90) per i casi totali (grafico sinistro) e i casi attivi diagnosticati (grafico destro). Grafici Inferiori: casi totali globali e portatori, stimati utilizzando i parametri del 24 Maggio 2020 (giorno 90).

3.4 Affidabilità del modello

Stime dei casi positivi confermati attivi e totali nelle suddette quattro macro-regioni sono stati generati e raccolti nel sito web [14] a partire dal 1 Aprile 2020. Qui se ne riportano alcuni per mostrare l'affidabilità del modello.

3.4.1 Rilevamento del picco dei casi attivi confermati

La curva dei casi attivi (diagnosticati) $y_2(t_n)$ ha raggiunto il suo massimo di 108.257 individui il 19 Aprile, e ha esibito una pendenza molto piatta nei giorni circostanti prima di cominciare a scendere, rilevando un rallentamento dell'infezione. Per controllare l'accuratezza del modello nel predire il giorno di picco e il numero totale dei casi confermati $y_2(t_n) + z_2(t_n)$, si è risolto il modello

approssimando le sue soluzioni con i dati osservati disponibili nel giorni 1 e 22 Aprile. I risultati relativi a queste due raccolte di dati sono rappresentati in Figura 3.4, nelle due paia di figure superiore e inferiore rispettivamente. Le linee continue sono quelle predette dal modello, mentre i cerchi corrispondono ai dati osservati. Le linee verticali tratteggiate localizzano i giorni circostanti il picco previsto, dove il numero di casi attivi differisce dal massimo al più dello 0.4%. Si può vedere che sia i casi totali che il giorno di picco in Italia (corrispondente al giorno 55) sono abbastanza ben predetti su un’ampiezza temporale maggiore di venti giorni.

3.4.2 Stima del tasso di attacco effettivo

Si ritiene quasi con certezza che il numero di persone infette che sono rimaste nascoste ai tests di rilevazione del COVID-19 sia molto più grande rispetto al numero di casi confermati; e non solo su scala nazionale, ma anche e soprattutto su scala mondiale. L’importanza del distanziamento sociale e delle misure di sicurezza riflettono non solo i rischi correlati allo stadio pre-sintomatico della malattia, ma suggeriscono anche che un importante ruolo nella trasmissione del virus può essere giocato da individui asintomatici e paucisintomatici. In mancanza della possibilità di sottoporre la maggior parte della popolazione a tests di screening, è difficile stimare quante persone siano state infettate senza che essi manifestino sintomi significativi. Per adesso, ci sono studi che non possono essere estesi a contesti generali, ciononostante una percentuale di portatori asintomatici vicina all’80% tra tutti gli infetti è considerata realistica in aree con un’alta circolazione dell’infezione [15].

Mentre si attende per la realizzazione di un’ampio programma di tests di screening, uno strumento per cercare il numero di infezioni nascoste è di realizzare un affidabile modello compartmentale epidemiologico, capace di spiegare le dinamiche della diffusione del virus alla luce dei dati osservati e di riportare possibili scenari concernenti quelle classi di popolazione che potrebbero non essere tracciate direttamente (vedi, per esempio, [16], [17], [18]). Considerando la classe $y_1(t)$ delle persone infette non diagnosticate, il modello SI_2R_2 fornisce uno strumento per prospettare una stima di quella fetta di popolazione che ha effettivamente avuto il virus (*tasso di attacco effettivo*). Occorre sottolineare che il modello SI_2R_2 non considera una classe separata per le persone asintomatiche, tuttavia si può affrontare la questione ponendo ulteriori ipotesi che dipendano dal contesto (si veda più avanti).

Come insieme di dati di riferimento per calibrare i parametri del modello, si sono utilizzati i dati osservati aggiornati al 24 Maggio 2020 (giorno 90). Lo scopo delle due figure superiori in Figura 3.5 è di valutare l’accuratezza del modello nell’approssimare i dati. In particolare:

| | diagnosed | | global simulated | global/diagnosed ratio | immunity rate |
|----------|-----------|-----------|------------------|------------------------|---------------|
| | measured | simulated | | | |
| Lombardy | 78105 | 78910 | 2841561 | 36 | 28.2% |
| North | 91600 | 89544 | 1792530 | 20 | 10.1% |
| Center | 27205 | 26948 | 426153 | 16 | 3.20% |
| South | 15028 | 14853 | 92027 | 6 | 0.48% |
| Italy | 211938 | 210256 | 5152270 | 25 | 8.53% |

Figura 3.6: Casi totali globali e diagnosticati dopo la fine del Lockdown.

| | Lombardy | North | Center | South | Italy |
|-----------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| day level | 19 | 23 | 20 | 21 | 21 |
| | $1.4 \cdot 10^6$ | $9.0 \cdot 10^5$ | $2.4 \cdot 10^5$ | $5.3 \cdot 10^4$ | $2.5 \cdot 10^6$ |

Figura 3.7: Picco dei portatori.

- la figura superiore sinistra mostra il totale dei casi confermati (cerchi) e le corrispondenti soluzioni $y_{i2}(t_n) + z_{i2}(t_n)$, $i = 1, \dots, 4$ per le quattro macro-regioni e $y_2(t_n) + z_2(t_n)$ per l'intera Italia, ottenute come output del modello (linee continue). Osserviamo che l'accuratezza ottenuta è abbastanza buona ed è favorita dal corso regolare, dalla manifestazione dei sintomi alla rilevazione della malattia, che governa la transizione dalla classe y_{i1} delle persone infette non diagnosticate alla classe y_{i2} dei pazienti diagnosticati;
- la figura superiore destra mostra i casi attivi confermati (cerchi) e le corrispondenti soluzioni $y_{i2}(t_n)$, $i = 1, \dots, 4$ per le quattro macro-regioni e $y_2(t_n)$ per l'intera Italia. In questo caso, i dati mostrano una certa irregolarità, specialmente in Lombardia e nel resto del Nord Italia. Come discusso in precedenza nella descrizione dell'algoritmo di ottimizzazione, qui la transizione dalla malattia (classe y_{i2}) alla guarigione (classe z_{i2}) dipende pesantemente dalla capacità di valutazione umana. In ogni caso, la forma regolare della curva soluzione del modello descrive il comportamento generale dei dati con un'accuratezza abbastanza buona.

Dopo aver selezionato i parametri, possiamo quindi osservare le altre componenti della soluzione che rivelano il *lato nascosto* della diffusione del virus in Italia. Esse sono graficate nelle due figure inferiori della Figura 3.5:

- la figura inferiore sinistra mostra il numero di tutti gli individui infetti, precisamente i casi totali che includono sia persone sottoposte a diagnosi, sia persone non testate in alcun modo. Questo numero è facilmente calcolato come somma $y_{i1}(t) + z_{i1}(t) + y_{i2}(t) + z_{i2}(t)$ in ogni macro-regione,

e la loro somma per l'intera Italia. Il modello rivela uno scenario davvero drammatico con un tasso di attacco effettivo molto più grande rispetto a quello corrispondente ai casi totali confermati. In Figura 3.6 è riportata una tabella che sintetizza il numero di questi casi globali appena dopo la fine del Lockdown, avvenuta il 3 Maggio 2020, e lo confronta con il numero dei casi confermati;

- la figura inferiore destra mostra l'evoluzione temporale dei portatori, precisamente i casi attivi non diagnosticati che formano la classe $y_{i1}(t)$ per ogni macro-regione e, concordemente con (3.3.1), $y_1(t)$ per l'Italia. Essi mostrano un comportamento abbastanza differente da quello mostrato dai casi attivi diagnosticati (grafico superiore destro in Figura 3.5). La differenza più evidente riguarda il giorno di picco che si verifica circa un mese precedente rispetto a quello dei casi attivi diagnosticati. Come previsto, esso cade in prossimità del Lockdown nazionale entrato in vigore l'11 Marzo (giorno 16). In modo interessante, la simulazione effettuata con il modello SI_2R_2 rivela come le misure di distanziamento, imposte dal governo a tutta la nazione, hanno impattato sulla crescita della curva dell'infezione che, dopo pochi giorni, ha raggiunto il suo livello massimo per poi decrescere rapidamente nei giorni successivi. Nella Figura 3.7 si riporta un'altra tabella in cui sono elencati il giorno e il livello del picco in ogni macro-regione e in Italia.

La misura in cui queste percentuali possano riflettere la reale diffusione epidemica in Italia potrà essere quantificata solo dopo aver condotto uno screening di un campione di popolazione ampio e casuale. In ogni caso, la tabella in Figura 3.6 rivela scenari davvero differenti per le quattro macro-aree analizzate.

In Nord Italia, dove il tasso di crescita dell'infezione ha raggiunto livelli drammatici il sistema sanitario locale è stato travolto. Conseguentemente, si è supposto che un rilevante numero di persone infette, persino quelle che accusavano i sintomi, sfuggissero a qualsiasi test di controllo. A sostegno di questa abbastanza diffusa ipotesi si potrebbe osservare che, dalla fine di Febbraio e lungo tutto il mese di Marzo, si è riscontrato un numero enorme di decessi non contati che potrebbero essere legati indirettamente al SARS-CoV2. Nella tabella in Figura 3.8 sono riportati alcuni risultati provenienti da uno studio condotto dall'ISTAT (Istituto Italiano di Statistica) e dall'ISS (Istituto Superiore di Sanità), datato 4 Maggio, che confronta il numero totale di decessi a partire dal 20 Febbraio fino al 31 Marzo 2020 (escludendo il 29 Febbraio 2020) con l'ammontare annuale di decessi verificatisi nei 5 anni precedenti. Dall'ultima colonna della tabella in Figura 3.8 si può osservare che un grande eccesso di mortalità, non attribuito alla letalità del virus,

si è riscontrato in questo periodo dalle regioni del Nord. Fra questi morti ve ne sono certamente diversi da imputare a scarse condizioni di salute che sarebbero potute essere curate normalmente, se gli ospedali non fossero collassati a causa dell'insorgere di una valanga di pazienti che necessitavano cura intensive. Tuttavia, considerando che le morti ricondotte al COVID-19 sono state contate solo per quelle persone che sono risultate positive ai tests di controllo, non è infondato ritenere che la suddetta discrepanza riguardante l'eccesso di mortalità sia da ricondurre all'infezione virale che, a propria volta, suggerisce un determinato livello di correlazione fra questo eccesso di decessi e l'effettiva proporzione di popolazione che ha contratto l'infezione senza che questa sia stata diagnosticata. Relativamente a quest'ultimo aspetto, la tabella in Figura 3.6 mostra che il numero cumulativo stimato di infetti è 25 volte il numero dei casi confermati prendendo in considerazione l'Italia intera e, persino di più, se prendiamo in considerazione la Lombardia, dove un tasso di immunità di circa il 30% sembra essere stato raggiunto alla fine del Lockdown.

Al contrario, in Centro e Sud Italia, il virus ha avuto un impatto minore e le misure di pubblica emergenza sono state adottate in tempo, così che la diffusione del virus è stata contenuta con successo. In particolare, in Sud Italia, dove il sistema sanitario non è andato fuori controllo, si può supporre che parecchie persone infette non testate possono essere state asintomatiche o paucisintomatiche. Sotto questa ipotesi semplificativa, dalla tabella in Figura 3.6 possiamo supporre che più dell'80% dei 92027 individui simulati in Sud Italia potrebbe essere stato moderatamente sintomatico. Tale percentuale può avere senso, considerando anche che un certo numero di individui asintomatici è stato comunque individuato tramite procedure di tracciamento dei contatti, e pertanto entrerebbe a far parte della classe y_{42} dei casi confermati.

Infine, occorre sottolineare che i risultati riportati sopra derivano da una specifica scelta dei due parametri statistici γ_1 e τ utilizzati nel modello. Se si analizza la sensibilità del modello a questi due parametri si riscontra che, mentre se si aumenta o diminuisce τ di un paio di giorni tale variazione non produce cambiamenti considerevoli nei risultati, al contrario una variazione di γ_1 influisce sulla soluzione più direttamente. Nello specifico, diminuire il valore di questo parametro comporterebbe un incremento dei valori stimati dei casi totali così che, in questa eventualità, i risultati sottostimerebbero la situazione effettiva.

3.4.3 Conseguenze del Lockdown

Un utilizzo interessante del modello è quello di verificare il benefici del Lockdown, che è stato imposto dalle autorità a partire dall'11 Marzo 2020

| | total deaths 2020 | average total deaths 2015-19 | deaths COVID-19 2020 | additional increase of deaths 2020 |
|----------|----------------------|------------------------------------|----------------------------|--|
| Lombardy | 27279 | 11195 | 8362 | 7722 |
| North | 29123 | 21296 | 4195 | 3632 |
| Center | 13985 | 13120 | 749 | 116 |
| South | 20559 | 19981 | 404 | 174 |
| Italy | 90946 | 65592 | 13710 | 11644 |

Figura 3.8: Incremento di mortalità dal 20 Febbraio al 31 Marzo.

(giorno 16 a partire dal 24 Febbraio).

Fino a quella data, la diffusione dell’infezione nelle regioni del Centro e Sud Italia era contenuto. Conseguentemente, nell’analisi del periodo del pre-Lockdown (in realtà prima del giorno 24) si è preferito trascurare i dati provenienti dalle regioni del Centro e del Sud più le Isole.

Come è stato sottolineato precedentemente, il modello (3.2.4) fornisce una stima dei valori iniziali degli individui suscettibili, $x_i(0)$, $i = 1, \dots, 4$ (e di conseguenza $x(0)$, in accordo con (3.3.1)), durante la fase di approssimazione (a). Come ci si può aspettare, questo numero aumenta durante il periodo iniziale della diffusione di una epidemia, rispecchiando la diffusione spaziale dell’infezione in nuove aree popolate incontaminate, fino a saturare prima o poi l’intera popolazione di una data regione.

In Figura 3.9 i cerchi rappresentano il numero di individui suscettibili in Nord Italia (Lombardia inclusa) stimati dal modello (3.2.4), normalizzati rispetto all’intera popolazione (circa $2.7 \cdot 10^7$ persone), mentre la linea continua rappresenta la relativa approssimazione logistica. Per effetto del Lockdown, che è contrassegnato dalla linea di puntini verticali nel giorno 16, si deduce che circa il 20% dell’intera popolazione è stata esposta al virus. Si può osservare che, dopo il Lockdown, il numero di individui suscettibili è incrementato per circa 10-12 giorni, incremento coerente con il periodo di incubazione massimo del virus. Dopodiché, il numero dei suscettibili si è stabilizzato.

Per delineare come lo scenario si sarebbe presentato in assenza del Lockdown, si sono utilizzati i dati pre-Lockdown per definire una nuova approssimazione logistica che coincide con la precedente fino al giorno 16 (i.e il giorno del Lockdown) fino a saturare l’intera popolazione. Quest’ultima approssimazione logistica, rappresentata dalla linea tratteggiata in Figura 3.9, mostra che, al massimo, tutta la popolazione sarebbe divenuta suscettibile dopo circa 90 giorni (24 Maggio). Questo ragionamento ci permette di confrontare virtualmente la situazione reale nel giorno 90, con un’altra ipotetica in cui tutti i parametri del modello rimangono fissati e gli individui suscettibili

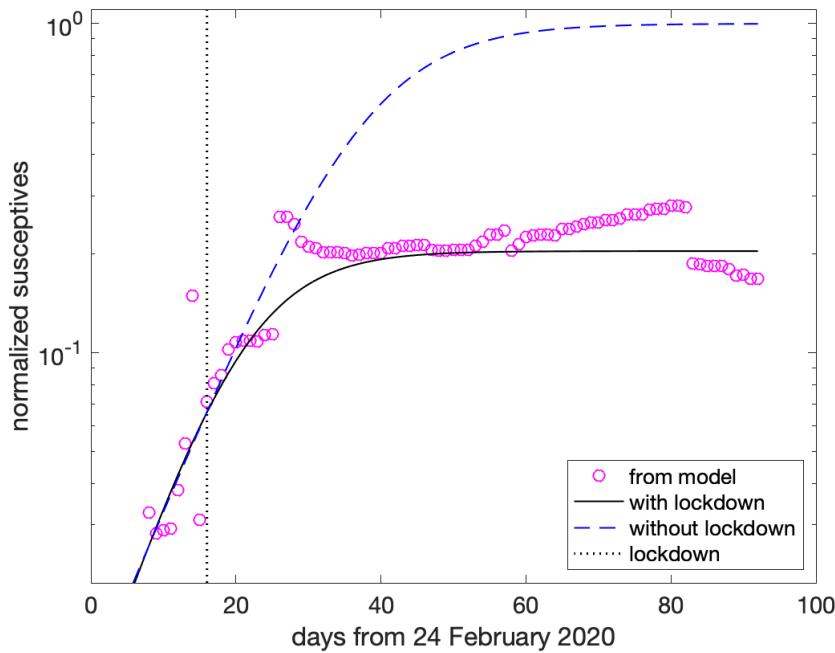


Figura 3.9: Scenario in Nord Italia (includendo la Lombardia) con e senza Lockdown.

raggiungono il numero dell’intera popolazione. I risultati sono sintetizzati in Figura 3.5, 3.10 e 3.11:

- in Figura 3.5 sono graficate le curve rappresentanti l’evoluzione delle situazioni simulate (linee continue) e i dati osservati (cerchi) per i casi totali diagnosticati e i casi attivi diagnosticati fino al 24 Maggio 2020 (i.e giorno 90). Come si può vedere, i parametri liberi possono essere calibrati accuratamente fino a indurre la soluzione di (3.2.4) ad approssimare molto accuratamente i dati osservati in ogni macro-regione e, di conseguenza, in tutta Italia. Escludendo i valori iniziali $x_i(0)$ degli individui suscettibili in ogni macro-regione, l’insieme dei parametri ottenuti con questa simulazione è stato sfruttato per dedurre lo scenario in assenza di Lockdown;
- in Figura 3.10 vengono nuovamente riportati i casi totali e i casi attivi diagnosticati riguardanti l’intera Italia (linea continua), in scala logaritmica, corrispondenti allo scenario reale che tiene conto del Lockdown, e li si confrontano con lo scenario simulato che vede l’assenza di un Lockdown, ottenuto usando tutti i parametri come nel precedente caso, ma gli individui suscettibili sono assunti essere l’intera popolazione in ogni macro-regione (linea tratteggiata). Come si può vedere, se si

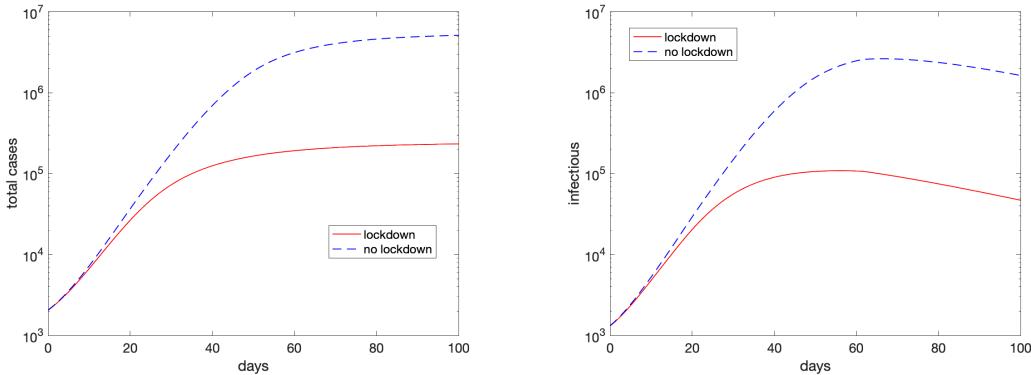


Figura 3.10: Casi totali simulati (grafico sinistro) e casi attivi diagnosticati (grafico destro) riguardanti l’intera Italia, con e senza Lockdown usando i parametri del 24 Maggio 2020 (giorno 90).

focalizza l’attenzione al giorno 100 la stima dei casi totali passa da meno di $2.5 \cdot 10^5$, con il Lockdown, a circa $5 \cdot 10^6$ nello scenario che non prevede la misura del Lockdown. In modo corrispondente, gli individui infetti hanno un picco di 10^5 casi con il Lockdown, mentre sono più di $2 \cdot 10^6$ senza Lockdown. Assumendo la stessa letalità della malattia nei due scenari differenti, ciò vorrebbe dire passare da circa $3.4 \cdot 10^4$ decessi a circa $7 \cdot 10^5$. Si deve sottolineare che nello scenario che non contempla il Lockdown si assume che nessun’altra misura di emergenza sia introdotta durante il periodo di simulazione dal governo o dalla popolazione stessa, e non tiene conto di un numero di variabili critiche che probabilmente influenzerebbero i risultati ottenuti come, per esempio, gli effetti di un sovraccarico delle strutture sanitarie;

- in Figura 3.11 è illustrata la simulazione con e senza Lockdown concernente gli individui suscettibili totali e le persone infette non diagnosticate guarite spontaneamente, i.e. (vedi (3.3.1)), le classi $x(t)$ e $z_1(t)$. Come si può dedurre dal grafico di sinistra, nel caso che non prevede il Lockdown si raggiunge la cosiddetta *immunità di gregge* [19] con il massimo della popolazione infettata dal virus, anche se molti guariscono spontaneamente, come esibito nel grafico destro della figura.

3.4.4 Anticipare il Lockdown

Come evidenziato in precedenza, il Lockdown è stato capace di frenare la diffusione dell’epidemia nelle regioni del Centro e Sud Italia, dove il contagio è giunto più tardi, laddove nel Nord Italia la situazione è stata molto più

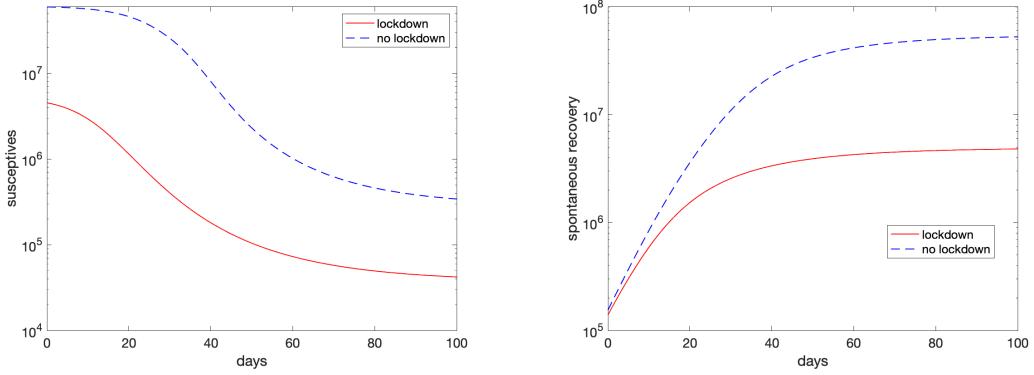


Figura 3.11: Suscettibili simulati (grafico sinistro) e guariti non diagnosticati (grafico destro) riguardanti l’intera Italia, con e senza Lockdown, usando i parametri del 24 Maggio 2020 (giorno 90).

critica, come testimoniato dal gran numero di decessi rispetto al resto del paese. La questione naturale che si pone a questo punto è chiedersi quando si sarebbe dovuto chiudere il Nord Italia al fine di ottenere, come risultato delle restrizioni, una situazione migliore rispetto a quella verificatasi realmente e più simile a quella osservata nelle altre regioni.

A questo scopo, in Figura 3.12 sono rappresentati, con dei cerchi, gli individui suscettibili normalizzati stimati dal modello in Nord Italia (includendo la Lombardia, come fatto in Figura 3.9) a partire dal giorno 8 e, con dei quadrati, quelli in Centro e Sud Italia sommati tra loro a partire dal giorno 24, poiché nei giorni precedenti ai suddetti scelti come punto di partenza, i casi erano troppo pochi per avere una sufficiente accuratezza statistica. Anche nel secondo caso sopra menzionato, il numero di individui suscettibili è normalizzato in base alla popolazione in Centro e Sud Italia (circa $3.3 \cdot 10^7$ persone).

Come si può osservare, nel secondo caso il livello di individui suscettibili esposti al virus è molto più piccolo (meno del 2%) e, questa, è stata la principale ragione per una situazione migliore nel Centro e Sud Italia. Di conseguenza, si deduce che un risultato simile sarebbe potuto emergere anche in Nord Italia se il Lockdown fosse stato fatto iniziare quando il livello dei suscettibili era simile. Dalla approssimazione logistica ottenuta precedentemente (linea continua in Figura 3.11), si deduce che il Lockdown sarebbe dovuto partire il giorno 4 anziché il giorno 16 (si veda il cerchio che circonda il punto di intersezione delle due stime). Questo significa che imponendo un Lockdown nel Nord Italia due settimane in anticipo, probabilmente si sarebbe potuta garantire una diffusione dell’epidemia molto meno dannosa.

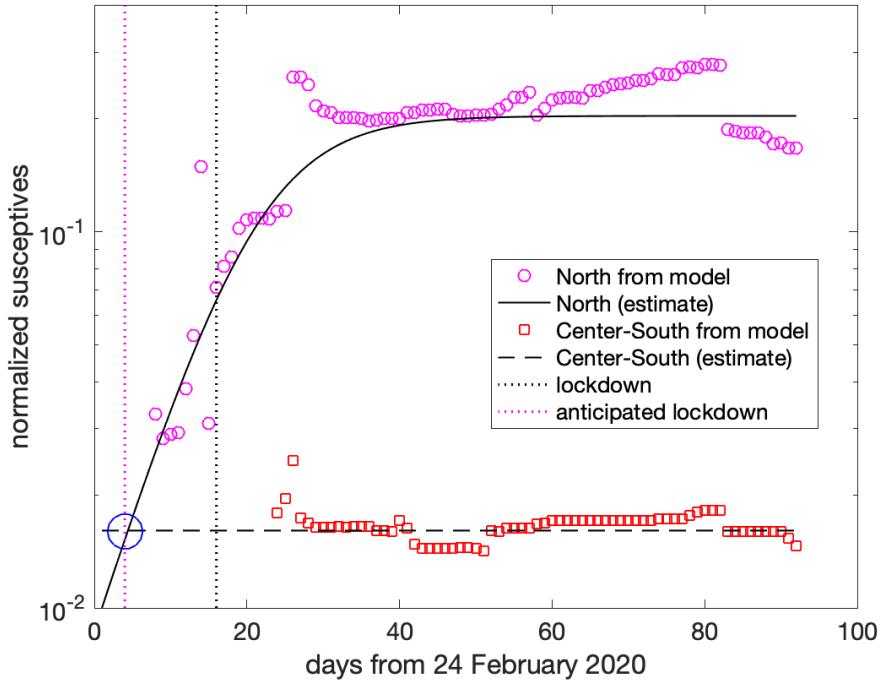


Figura 3.12: Effetto di un Lockdown anticipato al giorno 4, anziché al giorno 16.

3.4.5 Introduzione di test rapidi per lo screening

Una strada per ridurre l'impatto dell'epidemia dopo la fine del Lockdown sarebbe potuta essere quella di ridurre le persone infette non diagnosticate mediante l'utilizzo di tests rapidi per rilevare se un individuo sia contagioso oppure no. Confinando l'analisi, per semplicità, al modello (3.2.1), si introduce un termine extra di rimozione nella seconda equazione, ottenendo:

$$\begin{cases} x'(t) = -\frac{\beta}{N}x(t)y_1(t) \\ y'_1(t) = \frac{\beta}{N}x(t)y_1(t) - \sigma y_1(t-\tau)s_+(y_1(t)) - (\gamma_1 + \frac{\nu}{N})y_1(t) \\ y'_2(t) = \sigma y_1(t-\tau)s_+(y_1(t)) + \frac{\nu}{N}y_1(t) - \gamma_2 y_2(t) \\ z'_1(t) = \gamma_1 y_1(t) \\ z'_2(t) = \gamma_2 y_2(t) \end{cases} \quad (3.4.1)$$

dove abbiamo usato la stessa notazione adottata in (3.2.1), con $\frac{\nu}{N}$ indicante la frazione di individui che si sottopongono al test. Anche in questo caso, si verifica che vale la proprietà di conservazione (3.2.2), con N il numero totale di individui. La variante multi-regione di (3.4.1) si deriva in modo analogo.

In Figura 3.13 è mostrata la situazione simulata in Italia nel caso in cui il Lockdown cessi nel giorno 90, utilizzando i parametri stimati (come fatto

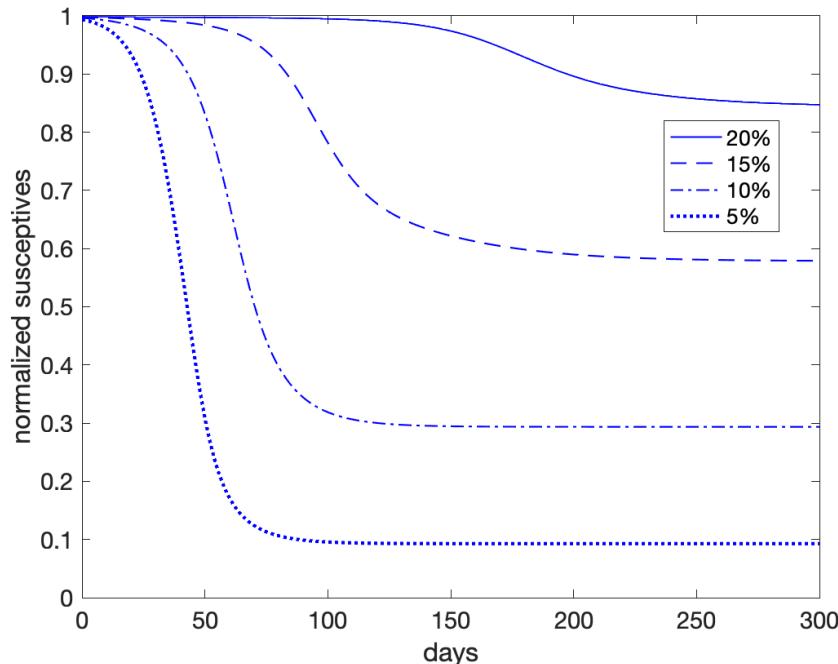


Figura 3.13: suscettibili simulati, usando i dati del 24 Maggio (giorno 90) con i livelli di tests rapidi specificati.

precedentemente) ma trascurando, per semplicità, i termini di migrazione. Conseguentemente, ora si considera tutta la popolazione suscettibile, ma si introduce un livello di tests del 5%, 10%, 15% e 20% nella popolazione.

Come si può vedere, al fine di ottenere uno scenario al giorno 90 simile a quello prodotto dal Lockdown (circa il 15% della popolazione esposta al virus), dovrebbe essere somministrato su base giornaliera un ammontare di tests rapidi uguale al 20% dell'intera popolazione Italiana ($\nu/N = 0.2$). La popolazione esposta (individui suscettibili stimati dal modello al tempo $t = 0$) aumenterebbe il suo numero più del 40%, 70% e 90% se le persone sottoposte al test scendessero al 15%, 10% e 5%, rispettivamente. Anche se non mostrato in figura, un livello di tests del 25% sembra essere sufficiente per rendere quasi tutta la popolazione non esposta al virus.

In conclusione, se i tests rapidi sono somministrati casualmente alla popolazione, solo l'ammontare di un'alta percentuale produrrebbe benefici comparabili (o persino migliori) a quelli ottenuti imponendo un Lockdown. Ciononostante, ci si può aspettare un miglioramento significativo del loro impatto se la rapida campagna di tests fosse somministrata a persone più soggette alla trasmissione dell'epidemia, come persone che lavorano nei pubblici uffici, supermercati, etc.

Conclusioni

Giunti oramai alla conclusione, dovrebbe risultare chiara ed evidente al lettore la struttura dicotomica che si è voluta dare a questa tesi. Per scrupolo di chiarezza è opportuno concludere l’elaborato riepilogando i principali risultati descritti ed analizzati nel corso della stesura.

Nella prima parte, costituita essenzialmente dal Capitolo 1 e dal Capitolo 2, si è sottolineato che la presenza di un termine ritardato può modificare drasticamente qualche proprietà di limitatezza o stabilità e, in generale, le dinamiche dei modelli più semplici che riguardano le ODEs. Si è poi illustrato, per mezzo di qualche esempio, che anche nell’implementazione dei metodi numerici qualche vantaggiosa proprietà di accuratezza e stabilità dei basilari metodi per le ODEs possono essere distrutti quando il metodo è applicato a una DDE. In particolare ci si è soffermati su alcuni aspetti riguardanti la stabilità per rendere l’idea delle differenze che possono intercorrere tra le DDEs e le ODEs nella loro implementazione numerica.

Sulla base di diversi esempi, si è poi evidenziata principalmente la mancanza di stabilità di alcuni metodi (si sarebbero potute analizzare e sottolineare anche lacune di accuratezza ma, per non appesantire la trattazione, si è preferito tralasciare tali aspetti) nonostante li si siano applicati alla classe più semplice delle equazioni lineari scalari con ritardo costante. Si è sottolineato, infatti, che l’integrazione delle DDEs non può essere basata su un mero adattamento di qualche metodologia standard per le ODEs alla presenza di termini ritardati; l’integrazione delle DDEs richiede invece l’uso di specifici metodi, in base alla natura dell’equazione e al comportamento della soluzione.

Si è anche analizzato il grado di regolarità della soluzione per sistemi di DDEs. In particolare, si è posta attenzione sulla natura e sulla posizione di salti di discontinuità della derivata, e la loro propagazione lungo l’intervallo di integrazione sotto differenti ipotesi sul ritardo. Per di più, per completezza, si sono forniti alcuni risultati sull’esistenza e unicità della soluzione per il problema ai valori iniziali. Per giunta, si è accennato al fatto che per ritardi costanti e dipendenti dal tempo i suddetti problemi sono stati ampiamente

studati, mentre una completa e soddisfacente analisi per il caso più generale di ritardo dipendente dalla variabile di stato non è ancora stata data.

Nel Capitolo 3, che invece costituisce chiaramente la seconda parte, si è mostrato che il modello SI_2R_2 e, in particolare, la sua variante multi-regionale $mrSI_2R_2$, può essere utilizzato in modo affidabile per predire l'evoluzione dell'epidemia COVID-19 in Italia. Pertanto può essere un valido strumento per ottimizzare l'uso del sistema sanitario. Si è utilizzato tale modello per valutare l'impatto del Lockdown sulla gestione di questa emergenza, oltre che per dedurre che adottandolo anche solo due settimane prima avrebbe presumibilmente fornito un risultato riguardante la diffusione dell'epidemia di gran lunga migliore. Inoltre si è derivata una stima delle persone infette totali effettive nel periodo di tempo preso in considerazione, i.e. sia gli individui diagnosticati che quelli non diagnosticati, stimando che i primi sono circa il 4% del totale. Infine, si è accennato al fatto che il modello potrebbe essere anche esteso per includere l'uso estensivo di tests rapidi per gestire l'epidemia una volta che sia cessato il Lockdown.

Bibliografia

- [1] Alfredo Bellen and Marino Zennaro. *Numerical Methods for Delay Differential Equations*. Oxford University Press, New York, 2003.
- [2] Luigi Brugnano, Felice Iavernaro and Paolo Zanzottera. *The hidden side of COVID-19 spread in Italy* (2020), <https://arxiv.org/pdf/2006.08356.pdf>.
- [3] https://www.epicentro.iss.it/en/coronavirus/bollettino/Infografica_3giugno%20ENG.pdf (accessed on 6 June 2020).
- [4] D.G.Luenberger. *Introduction to Dynamic Systems: Theory, Models and Applications*. John Wiley and Sons, New York, 1979, pp. 376–378.
- [5] Xi He et alii. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nature Medicine Brief Communication* (2020), <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0869-5>.
- [6] Linlin Bao et alii. Lack of Reinfection in Rhesus Macaques Infected with SARS-CoV-2. *bioRxiv preprint*:<https://doi.org/10.1101/2020.03.13.990226>.
- [7] Lan Lan et alii. Positive RT-PCR Test Results in Patients Recovered From COVID-19. *JAMA* 323(15) (2020) 1502–1503, <https://doi.org/10.1001/jama.2020.2783>.
- [8] Ji Yun Noh et alii. Asymptomatic infection and atypical manifestations of COVID-19: comparison of viral shedding duration. *Journal of Infection* (2020), <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.05.035>.
- [9] <https://www.epicentro.iss.it> (accessed on 12 April 2020 and 4 May 2020).
- [10] https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/bollettino/Bollettino-sorveglianza-integrata-COVID-19_26-maggio-2020_appendix.pdf (accessed on 6 June 2020).

- [11] <http://www.protezionecivile.gov.it> (daily accessed).
- [12] https://en.wikipedia.org/wiki/COVID-19_pandemic_in_Italy.
- [13] P.Amodio et alii. Analysis of Spectral Hamiltonian Boundary Value Methods (SHBVMs) for the numerical solution of ODE problems. *Numerical Algorithms* 83 (2020) 1489–1508, <https://doi.org/10.1007/s11075-019-00733-7>.
- [14] <https://www.mrsir.it/en/projections/>.
- [15] A.J. Ing et alii. COVID-19: in the footsteps of Ernest Shackleton. *Thorax* (2020), <https://doi.org/10.1136/thoraxjnl-2020-215091>.
- [16] D.Fanelli and F.Piazza. Analysis and forecast of COVID-19 spreading in China, Italy and France. *Chaos, Solitons and Fractals* 134 (2020) 109761, <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109761>.
- [17] Xinmiao Fu et alii. Simulating and forecasting the cumulative confirmed cases of SARS-CoV-2 in China by Boltzmann function-based regression analyses. *Letters to the Editor/Journal of Infection* 80 (2020) 578–606, <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.02.019>.
- [18] G. Giordano et alii. Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. *Nature Medicine Letters* (2020), <https://doi.org/10.1038/S41591-020-0883-7>.
- [19] H.E. Randolph and L.B. Barreiro. Herd Immunity: Understanding COVID- 19. *Immunity* 52 (2020) 737–641, <https://doi.org/10.1016/j.immuni.2020.04.012>.