



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
FIRENZE

Scuola di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali

Corso di Laurea in Fisica e Astrofisica

Tesi di Laurea

L'INFLUENZA DELLA PERCEZIONE DEL  
RISCHIO NELLE DINAMICHE EPIDEMICHE:  
UN APPROCCIO CON LA  
MODELLIZZAZIONE AD AGENTI

INFLUENCE OF RISK PERCEPTION IN  
EPIDEMIC SPREADING: AN AGENT-BASED  
APPROACH

GIULIA LEONE

Relatore: Prof. *Franco Bagnoli*

Anno Accademico 2019-2020

Giulia Leone: *L'influenza della percezione del rischio nelle dinamiche epidemiche: un approccio con la modellizzazione ad agenti*, Versione 0.0.1, Corso di Laurea in Fisica e Astrofisica, © , Università degli Studi di Firenze, Anno Accademico 2019-2020

*A <Nome>,  
frase di dedica.*

*"Citazione coltissima" Autore, "Titolo", 19xx, rif bibliografia.*

---

## INDICE

---

Introduzione	1
1 TITOLO DEL PRIMO CAPITOLO	2
2 TITOLO DEL SECONDO CAPITOLO	7
3 TITOLO DEL TERZO CAPITOLO	14
4 CONCLUSIONI	15
A CODICE SVILUPPATO: COMPLETO E COMMENTATO	16
Acronimi	17
Bibliografia	20

*"Citazione colta,  
ma colta colta,  
in italiano."*

*"Citazione colta,  
ma colta colta,  
in inglese."  
— Opera, Autore*

---

## INTRODUZIONE

---

### PROVA DI CITAZIONE

[1]

---

## TITOLO DEL PRIMO CAPITOLO

---

L'obiettivo dietro alla creazione di un modello matematico di una malattia infettiva è quello di arrivare a comprenderne e a descriverne il processo di trasmissione. In linea del tutto generale, possiamo andare a semplificarlo come segue:

- a. in primo luogo, uno o più soggetti infetti vengono introdotti in una popolazione di individui suscettibili (a rischio, cioè, di contrarre la malattia);
- b. un individuo che viene infettato può inizialmente rimanere asintomatico, per poi mostrare i sintomi; può guarire, sia grazie all'assunzione di medicinali che all'azione del sistema immunitario, ed acquisire così una protezione nei confronti di una possibile reinfezione;
- c. quando il bacino dei potenziali suscettibili viene sufficientemente svuotato, la diffusione inizia a rallentare fino a fermarsi; se vengono aggiunti nuovi soggetti alla popolazione, che sia a seguito di flussi migratori o di nascite, l'epidemia può persistere per un lungo periodo di tempo e diventare così endemica.

La modellazione matematica si è rivelata di centrale importanza nel saper rispondere alle domande che possono sorgere all'alba di quella che, a tutti gli effetti, potrebbe rivelarsi una nuova epidemia (se non una pandemia), come, ad esempio, quale possa essere il numero di persone bisognose di cure ospedaliere o quali effetti possa sortire l'imposizione di una quarantena. La sua forza sta anche nel fatto che gli approcci tradizionali, quello statistico e quello sperimentale, in questo frangente non si rivelano altrettanto utili: se da una parte diventa complicato riprodurre in laboratorio il comportamento su grande scala di una malattia infettiva,

che può coinvolgere un gran numero di persone distribuite in aree geografiche spazialmente estese, dall'altra è difficile fare affidamento su di un'analisi statistica se i dati raccolti non sono completi o accurati (basti pensare alla difficoltà di reperire informazioni su soggetti asintomatici). Lo scopo della modellazione si fa, dunque, triplice:

1. come già detto, consentire una migliore comprensione dei meccanismi di trasmissione dell'infezione;
2. riuscire, di conseguenza, a predirne l'andamento futuro;
3. infine, individuare delle modalità di contenimento per tenere sotto controllo la diffusione [2].

Il processo che si mette in atto consiste di una serie di passi, che vanno dalla formulazione di assunzioni sulla trasmissione della malattia, a partire dalle quali si può costruire un primo modello, alla validazione dello stesso mediante i dati raccolti. C'è, tuttavia, da tenere conto del fatto che un modello matematico non è che un'approssimazione, basata sulle ipotesi che facciamo a seguito di quanto siamo riusciti ad osservare; ciò si traduce nella necessità, imposta anche da una non adeguata conoscenza della malattia in questione, di fare ricorso a delle semplificazioni: risulta, pertanto, chiara l'esigenza di andare a confermare coi dati, qualora possibile, il modello che si è messo in piedi.

Ci sono generalmente tre approcci che si possono seguire:

- quello dei modelli statistici, ampiamente usati in epidemiologia, ma con lo svantaggio, come abbiamo già sottolineato, di necessitare di grandi campioni di dati;
- quello dei modelli deterministici, retti dall'assunzione secondo la quale la dimensione delle popolazioni dei suscettibili e degli infetti sia una funzione continua del tempo; risultano meno affidabili se queste ultime constano di pochi individui, tuttavia sono matematicamente maturi e meno dipendenti dai dati;
- infine, quello dei modelli stocastici, che ben si adattano ad essere impiegati nel caso in cui si abbia a che fare con gruppi ristretti, ma che, al contempo, hanno bisogno di un gran numero di simulazioni numeriche [3].

In primo luogo, si va a suddividere la popolazione sotto esame in gruppi mutualmente esclusivi - come se fossero, per l'appunto, *compartimenti*



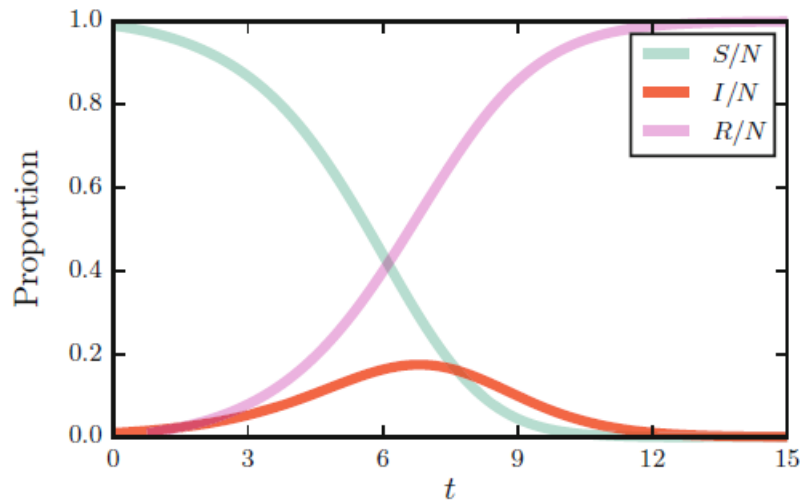


Figura 1: Dipendenza temporale delle dimensioni relative dei compartimenti rispetto alla totalità della popolazione;  $\gamma = 1$  e  $\beta = 1.6$  [4].

stagni - così che questi possano riflettere caratteristiche osservabili del processo di infezione. Come evidenziato in [4], quello che ci si propone di fare è descrivere nel modo più formale possibile le transizioni da una classe all'altra, così che si possa tener traccia del numero di individui che vi appartengono; detto risultato può essere raggiunto in modo diverso a seconda di quale tra i già citati approcci si sta seguendo: nella fattispecie, quello deterministico, che richiede la scrittura di un sistema di equazioni differenziali ordinarie ove le variabili in gioco sono le dimensioni dei vari compartimenti, consente di conoscere in modo esaustivo il comportamento di una popolazione a partire dalle sue condizioni iniziali, mentre quello stocastico si basa sull'esistenza implicita di una rete di connettività fra gli individui e, pertanto, tratta le informazioni relative all'infezione in funzione del rate di spostamento fra gli elementi di un reticolo.

Sulla falsariga del modello più noto e forse storicamente più rilevante, quello delineato da Kermack e McKendrick nel 1927 [5], possiamo ora introdurre il modello SIR: esso comporta la ripartizione del campione in esame in tre gruppi, ovvero

- $S$ , i *suscettibili*
- $I$ , gli *infetti*

- R, interpretabile sia come *guariti* (recovered) che come *rimossi* (removed)

la cui evoluzione temporale - messa in evidenza nella figura 1 - è ben descritta dal seguente sistema:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta I(t) \frac{S(t)}{N}; \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta I(t) \frac{S(t)}{N} - \gamma I(t); \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). \end{cases} \quad (1)$$

laddove  $\beta$  e  $\gamma$ , entrambe costanti  $> 0$ , sono rispettivamente il rate d'infezione e di guarigione/rimozione, mentre  $S(t) + I(t) + R(t) = N$  fornisce la dimensione della popolazione, anch'essa una quantità costante. Al sistema soprastante vengono aggiunte anche le opportune condizioni iniziali:  $S(0) = S_0 > 0$ ,  $I(0) = I_0 > 0$ ,  $R(0) = 0$ .

Osserviamo che il modello non perde di senso fintanto che  $S(t)$  e  $I(t)$  rimangono non negativi; è, pertanto, sufficiente che anche solo uno dei due diventi pari a zero perché ciò accada. Notiamo, inoltre, che  $\frac{dS(t)}{dt} < 0$  per ogni possibile valore di  $t$ , mentre  $\frac{dI(t)}{dt} > 0$  se e solo se  $\frac{\beta S(t)}{\gamma} > 1$ : ciò significa che, fin quando quest'ultima disuguaglianza rimane vera,  $I(t)$  cresce, ma in seguito, in virtù del fatto che  $S(t)$  diminuisce a prescindere da  $t$ , inverte il suo comportamento e finisce per tendere a zero.

Quanto appena detto ci dà il via per andare a definire una quantità fondamentale nello studio della diffusione di una malattia infettiva, il *numero di riproduzione di base*  $\mathcal{R}_0$

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta N}{\gamma} \quad (2)$$

che conta quanti individui, in media, vengono contagiati da un singolo infetto in una popolazione che altrimenti sarebbe totalmente sana. In aggiunta, è un buon indicatore dell'eventuale esplodere o meno dell'epidemia; più precisamente

$$\text{se } \mathcal{R}_0 \begin{cases} < 1, & \text{allora } I < 0 \text{ e il processo d'infezione si arresta} \\ > 1, & \text{allora } I \text{ cresce e l'epidemia prende piede} \end{cases}$$

La transizione fra uno scenario e l'altro si ha per  $\mathcal{R}_0 = 1$ , punto che prende il nome di *soglia epidemica*.

Combinando le prime due equazioni [6] che compaiono in (1), si ottiene

$$\begin{aligned}\log \frac{S_0}{S_\infty} &= \frac{\beta}{\gamma} [N - S_\infty] \\ &= \mathcal{R}_0 \left[ 1 - \frac{S_\infty}{N} \right]\end{aligned}$$

che mette in luce la relazione fra il numero di riproduzione di base e la dimensione finale dell'epidemia,  $[N - S_\infty]$ .<sup>1</sup>

---

<sup>1</sup> Qui abbiamo sottinteso di star cercando delle soluzioni costanti della coppia di equazioni differenziali,  $(S_\infty, I_\infty)$ ; partendo dal presupposto che, a  $t = 0$ ,  $S_0 + I_0 = N$  e ricordando che  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty = 0$ , risulta che  $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) + I(t) = S_\infty$ .

---

## TITOLO DEL SECONDO CAPITOLO

---

Le assunzioni secondo cui ogni individuo possa entrare in contatto con chiunque (*mixing omogeneo*) e il numero di interazioni di ciascun soggetto sia confrontabile con quello degli altri non sono realistiche: anzi, la probabilità che si verifichi un incontro fra due individui presi a caso è praticamente infinitesima. Di norma, ognuno ha una serie di contatti regolari con un numero ristretto di persone (familiari, colleghi, etc), mentre ignora tutto il resto della popolazione; questo li rende particolarmente adatti ad essere rappresentati tramite una rete [7].

Andiamo ad introdurre una serie di definizioni che in seguito ci risulteranno utili.

**Definizione 2.1** (*Grafo*). Un *grafo* (o una *rete*) è un insieme di elementi detti vertici o *nodi* che possono essere collegati fra loro da segmenti detti archi o *link* [8].

Consideriamo una rete non orientata - cioè una rete in cui i link possono essere percorsi indistintamente in un verso e nell'altro - con  $n$  vertici, che andiamo ad etichettare da 1 a  $n$ . Se indichiamo con  $(i, j)$  l'arco fra i nodi  $i$  e  $j$ , allora l'intera rete può essere descritta in funzione della

**Definizione 2.2** (*Matrice di adiacenza*  $I$ ). La matrice di adiacenza  $\mathbf{A}$  relativa ad un grafo semplice è una matrice i cui elementi sono così definiti [9]:

$$A_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{se esiste un arco fra } i \text{ e } j; \\ 0, & \text{altrimenti.} \end{cases}$$

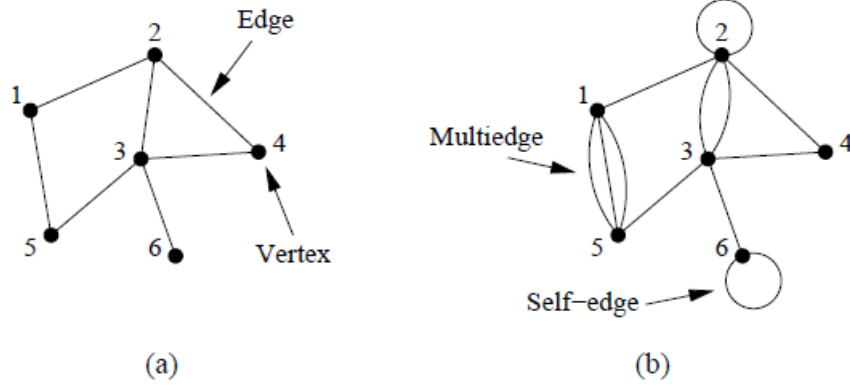


Figura 2: (a) Un grafo semplice, cioè privo di loop o link multipli. (b) Un grafo che presenta entrambi [9].

Se, ad esempio, prendiamo la rete (a) in figura 2, assumerà la seguente forma:

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}. \quad (3)$$

Possiamo osservare che risulta essere una matrice simmetrica con tutti 0 sulla diagonale.

Qualora invece ne avessimo sotto esame una più simile alla rete (b) della medesima figura, dovremmo tener conto del fatto che sono presenti link multipli e loop; si stabilisce di assegnare ai primi un numero pari alla loro molteplicità e ai secondi il valore 2. Ne risulta una matrice, ancora una volta, simmetrica:

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 3 & 0 \\ 1 & 2 & 2 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 3 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 2 \end{pmatrix}. \quad (4)$$

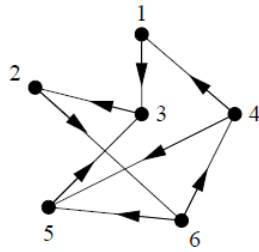


Figura 3: Un digrafo [9].

La questione cambia leggermente se si va a considerare una rete diretta o *digrafo*.

**Definizione 2.3 (Digrafo).** Un *digrafo* è un tipo di grafo in cui ogni arco ha una direzione, punta cioè da un vertice ad un altro [9].

Ciò ci porta a rivedere quanto detto per la matrice di adiacenza: affermiamo, quindi, che

**Definizione 2.4 (Matrice di adiacenza II).** La matrice di adiacenza **A** relativa ad un grafo orientato è una matrice i cui elementi sono così definiti [9]:

$$A_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{se esiste un arco da } j \text{ a } i; \\ 0, & \text{altrimenti.} \end{cases}$$

Relativamente alla figura 3, la matrice assumerà, pertanto, la seguente forma:

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}. \quad (5)$$

Ci soffermiamo poi su un particolare tipo di grafo, che ci risulterà più utile in seguito.

**Definizione 2.5 (Grafo bipartito).** Un grafo si dice *bipartito* se i suoi vertici possono essere suddivisi in due sottoinsiemi  $X$  e  $Y$  tali che ogni link ha un'estremità in  $X$  ed una in  $Y$  [10].

In modo del tutto equivalente a quanto abbiamo già fatto, possiamo andare a definire per un grafo del genere una matrice che lo va a descrivere.

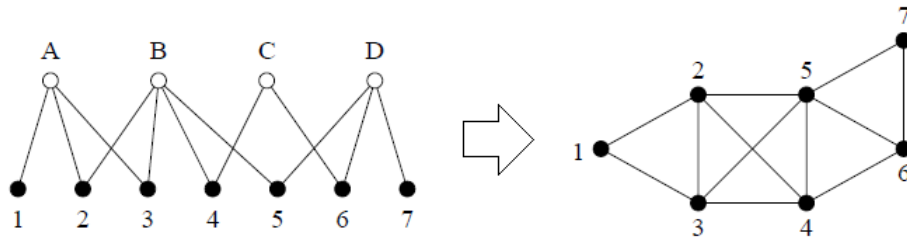


Figura 4: Passaggio da una rappresentazione tipica di una rete bipartita ad una in cui compaiono solo i vertici [9].

**Definizione 2.6** (*Matrice di incidenza*). La matrice di incidenza  $\mathbf{B}$  è una matrice  $g \times n$ , dove  $g$  è il numero di sottoinsiemi e  $n$  quello dei vertici che ne fanno parte, i cui elementi sono definiti come segue [9]:

$$B_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{se il vertice } j \text{ appartiene al gruppo } i; \\ 0, & \text{altrimenti.} \end{cases}$$

Uno dei pregi di una rete bipartita è quello di consentire in modo fluido il passaggio da una rappresentazione in cui compaiono sia vertici che gruppi ad una in cui, come viene messo in evidenza in figura 4, sono coinvolti soltanto i vertici; questa possibilità permette di visualizzare il formarsi di quelle che prendono il nome di cricche (*cliques*).

**Definizione 2.7** (*Cricca*). Una *cricca* è un sottografo completo, cioè un sottografo in cui ogni vertice è connesso a tutti gli altri [8].

L'emergere di questi raggruppamenti, di conseguenza, mette in rilievo l'esistenza di gruppi fortemente coesi all'interno della rete; questo aspetto assume ulteriore valore, in particolare, quando cerchiamo di rispondere ad una domanda che ci siamo posti nel precedente capitolo, ovvero come poter rappresentare una popolazione nella quale stia prendendo piede un certo tipo di malattia infettiva, perché ci consente non solo di dare forma agli individui che la costituiscono, ma anche all'intensità dei legami che intercorrono fra di essi: ci aspettiamo, infatti, che membri di una famiglia o colleghi di lavoro vadano a costituire una cricca.

**Definizione 2.8** (*Grado di un vertice*). Diciamo *grado* di un vertice il numero di archi ad esso connessi [9].

Se abbiamo un grafo non orientato con  $n$  vertici, possiamo esprimere il grado dell' $i$ -esimo vertice come

$$k_i = \sum_{j=1}^n A_{ij}. \quad (6)$$

Osserviamo adesso che, se una rete consta di  $m$  link, il numero totale di estremità che possiamo contare - pari a  $2m$  - altro non è se non la somma dei gradi di tutti i vertici:

$$m = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n k_i, \quad (7)$$

il che ci porta ad esprimere il grado *medio* di un vertice come

$$c = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n k_i = \frac{2m}{n}. \quad (8)$$

Indichiamo poi la *densità* di un grafo semplice come la frazione di archi effettivamente presenti:

$$\rho = \frac{m}{\binom{n}{2}} = \frac{2m}{n(n-1)} = \frac{c}{n-1} \quad (9)$$

con  $0 \leq \rho \leq 1$  e  $\binom{n}{2}$  numero massimo di link che è possibile tracciare. Ci soffermiamo brevemente sulle stesse grandezze nel caso in cui si stia esaminando una rete orientata:

- si può distinguere fra il grado esterno (relativo agli archi uscenti da un vertice)

$$k_i^{\text{out}} = \sum_{j=1}^n A_{ij} \quad (10)$$

e quello interno (relativo agli archi entranti)

$$k_j^{\text{in}} = \sum_{i=1}^n A_{ij} \quad (11)$$

- il numero di link presenti è pari a

$$m = \sum_{i=1}^n k_i^{\text{in}} = \sum_{j=1}^n k_j^{\text{out}} = \sum_{ij} A_{ij} \quad (12)$$



- il grado medio esterno è equivalente a quello interno

$$c^{\text{in}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n k_i^{\text{in}} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n k_j^{\text{out}} = c^{\text{out}}. \quad (13)$$

Il concetto di grado ci è immediatamente utile per definirne un altro: quello di *assortatività* o di *mixing assortativo*. Con questo termine indichiamo una tendenza, da parte dei vertici, a legarsi con altri nodi che, in qualche modo, somigliano loro; è piuttosto immediato pensare che un aspetto che possono avere in comune sia proprio il grado e, in effetti, in questo contesto si parla di *mixing assortativo per grado* [9]: è possibile andarlo a quantificare mediante un coefficiente di correlazione,

$$r = \frac{\sum_{ij} \left( A_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m} \right) k_i k_j}{\sum_{ij} \left( k_i \delta_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m} \right) k_i k_j}. \quad (14)$$

Una rete reale, tuttavia, non possiede alcun tipo di regolarità, almeno ad un primo sguardo; la difficoltà sta proprio nel riuscire a riprodurre nel miglior modo possibile la disposizione casuale degli archi. A questo proposito andiamo ad introdurre il concetto di *grafo aleatorio*, che viene descritto da una serie di parametri, alcuni dei quali fissati ed altri liberi.

**Definizione 2.9** (*Modello G (n, m)*). Un grafo aleatorio di questo tipo consiste di  $n$  nodi connessi da  $m$  link posizionati casualmente.

**Definizione 2.10** (*Modello G (n, p)*). All'interno di questo modello, ciascuna coppia di nodi fra gli  $n$  presenti risulta legata con una probabilità  $p$ .

Poiché il calcolo di tutta una serie di quantità caratteristiche risulta più semplice nel caso del secondo modello, ci concentreremo essenzialmente su quello [7].

La probabilità che uno qualunque di tutti i possibili grafi semplici  $G$  appaia è

$$P(G) = p^m (1 - p)^{\binom{n}{2} - m} \quad (15)$$

ove  $m$  è il numero di archi; pertanto, la probabilità totale di disegnare un grafo con  $m$  link a partire dal nostro insieme segue una distribuzione binomiale standard

$$P(m) = \binom{\binom{n}{2}}{m} p^m (1 - p)^{\binom{n}{2} - m}. \quad (16)$$

Il numero atteso di archi, di conseguenza, sarà semplicemente:

$$\langle m \rangle = \sum_{m=0}^{\binom{n}{2}} m P(m) = \binom{n}{2} p, \quad (17)$$

mentre il grado medio verrà così calcolato:

$$\langle k \rangle = \sum_{m=0}^{\binom{n}{2}} \frac{2m}{n} P(m) = (n-1) p \doteq c. \quad (18)$$

Sulla base di quanto appena detto, quindi,  $p$  è la probabilità che un vertice si leghi con uno qualunque degli altri  $n-1$  vertici; ciò ci porta ad esprimere la probabilità totale di essere connesso ad esattamente  $k$  nodi è data da:

$$p_k = \binom{n-1}{k} p^k (1-p)^{n-1-k}; \quad (19)$$

per  $n \rightarrow \infty$ , possiamo andare ad approssimarla come segue

$$p_k \simeq \frac{(n-1)^k}{k!} p^k e^{-c} = \frac{(n-1)^k}{k!} \left( \frac{c}{(n-1)} \right)^k e^{-c} = \frac{c^k e^{-c}}{k!} \quad (20)$$

cioè  $G(n, p)$  ha una *distribuzione di grado* poissoniana [9]. Distinguiamo due casi limite [7]:

- se  $p = 0$ ,  $\langle k \rangle = 0$  e nessun link è presente;
- se  $p = 1$ ,  $\langle k \rangle = 1$  e ogni vertice risulta connesso a tutti gli altri.

Va da sé che, se indichiamo con  $n_g$  la dimensione del più grosso cluster connesso all'interno della rete, nel primo scenario  $n_g = 1$ , mentre nel secondo  $n_g = n$ ; al crescere di  $\langle k \rangle$  e di conseguenza del rapporto  $\frac{n_g}{n}$ , infatti, viene ad emergere quella che indichiamo col nome di *componente gigante* [11].

# 3

---

## TITOLO DEL TERZO CAPITOLO

---

---

## CONCLUSIONI

---

A

---

CODICE SVILUPPATO: COMPLETO E COMMENTATO

---

---

## ACRONIMI

---

---

## ELENCO DELLE FIGURE

---

Figura 1	Dipendenza temporale delle dimensioni relative dei compartimenti rispetto alla totalità della popolazione; $\gamma = 1$ e $\beta = 1.6$ [4]. . . . .	4
Figura 2	(a) Un grafo semplice, cioè privo di loop o link multipli. (b) Un grafo che presenta entrambi [9]. . .	8
Figura 3	Un digrafo [9]. . . . .	9
Figura 4	Passaggio da una rappresentazione tipica di una rete bipartita ad una in cui compaiono solo i vertici [9]. . . . .	10

---

## ELENCO DEI CODICI

---

---

## ELENCO DELLE TABELLE

---



---

## BIBLIOGRAFIA

---

- [1] Franco Bagnoli, Daniele Lorini e Pietro Lió: *Modeling Social Groups, Policies and Cognitive Behavior in COVID-19 Epidemic Phases. Basic Scenarios*. Substantia, vol. 4(no. 1): 914, Jun. 2020. <https://doi.org/10.13128/Substantia-914>.
- [2] Daryl J. Daley e Joseph Gani: *Epidemic Modelling: An Introduction*. Cambridge University Press, 2001.
- [3] Michael Y. Li: *An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases*. Springer, 2018.
- [4] István Z. Kiss, Joel C. Miller e Péter L. Simon: *Mathematics of Epidemics on Network: From Exact to Approximate Models*. Springer, 2017.
- [5] William O. Kermack e Anderson G. McKendrick: *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character, 115(772):700–721, Aug. 1927. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>.
- [6] Fred Brauer, Carlos Castillo-Chavez e Zhilan Feng: *Mathematical Models in Epidemiology*. Springer, 2019.
- [7] Albert-László Barabási: *Network Science*, 2016. <http://networksciencebook.com/>.
- [8] Allan Bickle: *Fundamentals of Graph Theory*. American Mathematical Society, 2020.
- [9] Mark E. J. Newman: *Networks: An Introduction*. Oxford University Press, 2010.
- [10] John A. Bondy e Uppaluri S. R. Murty: *Graph Theory*. Springer, 2008.
- [11] Paul Erdős e Alfréd Rényi: *On Random Graphs I*. Publicationes Mathematicae, 6:290–297, 1959.

---

## RINGRAZIAMENTI

---

*Ringraziamento strappalacrime 1.*

*Ringraziamento strappalacrime 2.*