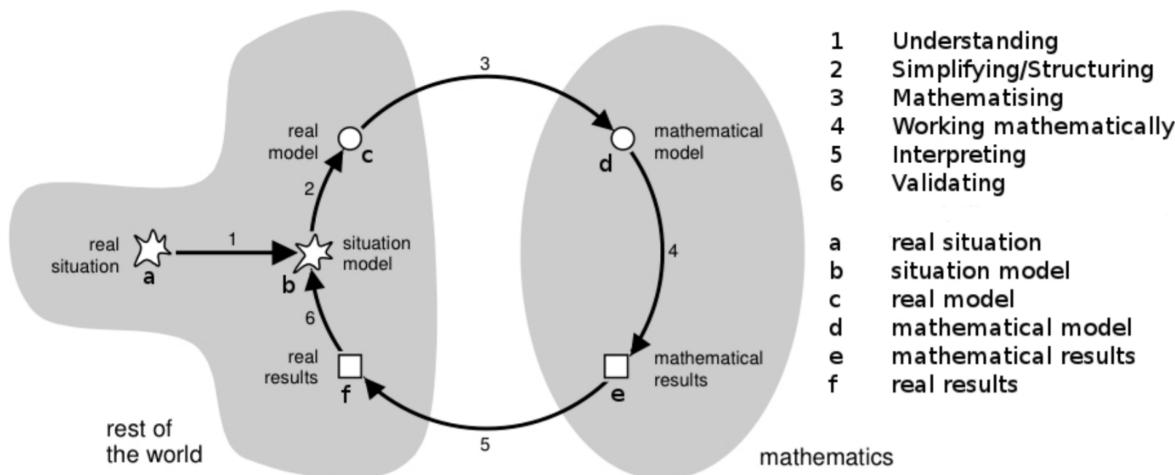


MODELLIZZAZIONE MATEMATICA

Un modello matematico si costruisce a partire dall' idealizzazione di un problema / situazione reale. Nella maggior parte dei casi, un modello matematico non è risolubile analiticamente bensì solo numericamente. Tale soluzione fornisce dei risultati quantitativi e/o qualitativi che andranno confrontati con i dati del problema / situazione reale. Tale processo va iterato fino al raggiungimento di risultati del modello sufficientemente precisi.



MODELLO MATEMATICO e METODO SCIENTIFICO

A partire dai dati reali, si hanno 2 approcci alla modellizzazione matematica:

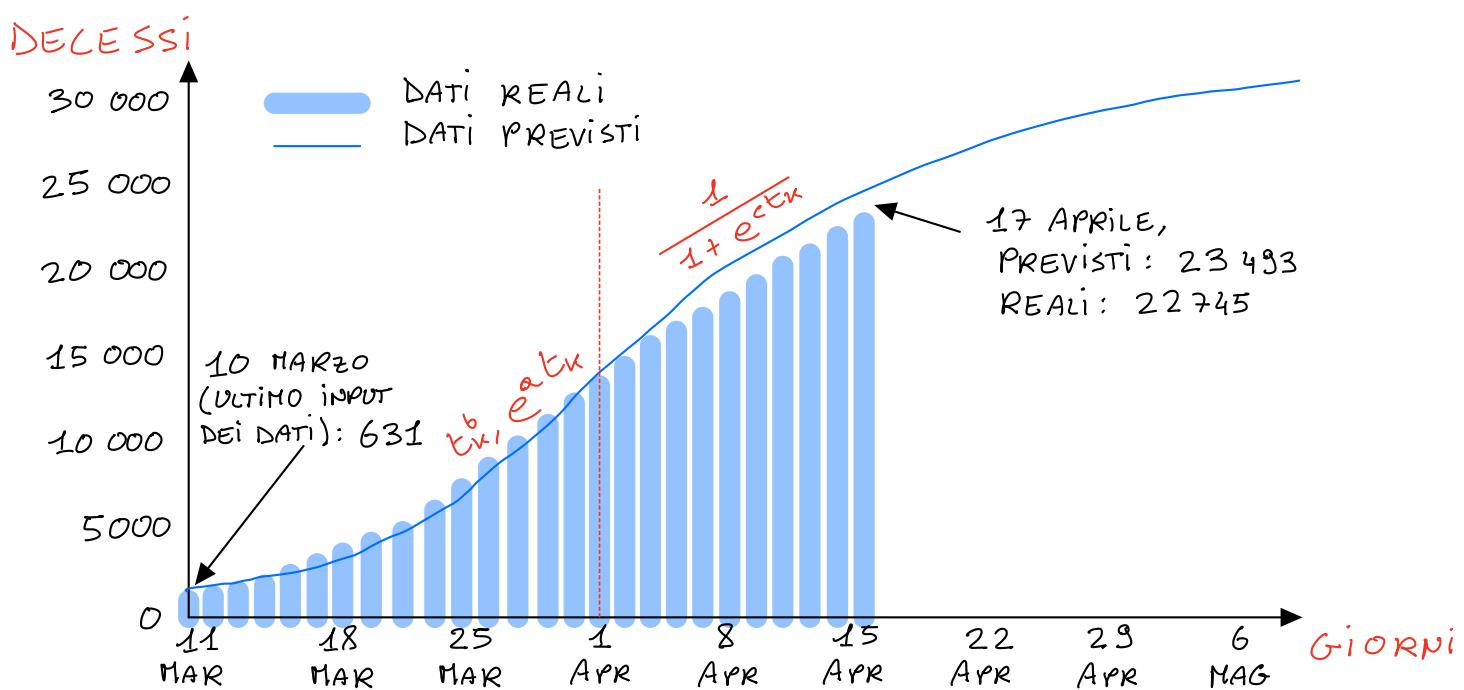
1) MODELLAZIONE DESCRITTIVA:

A partire dai dati si crea un modello che descrive i dati stessi ma non spiega le cause del loro

andamento.

Esempio (Decessi causati da SARS-CoV-2):

Il seguente grafico rappresenta una serie temporale di dati riferiti al numero giornaliero di decessi dovuti all'infezione del virus SARS-CoV-2 dal 11 marzo 2020 al 15 aprile 2020



Si noti come, se ci si restringe all'intervallo temporale 11 marzo - 1 aprile, la curva fittata sui dati sia assimilabile ad un andamento del tipo $d + e^{at^b}$ oppure t^b , mentre globalmente l'andamento è sigmoidale ($\frac{F}{d + e^{c t^b}}$).

In generale, l'approssimazione utilizzata in questi problemi di fitting è quella dei MINIMI QUADRATI: definiamo il vettore dei dati \vec{x}_k indicizzato dal

vettore dei giorni \vec{E}_k $\{\vec{Y}_k, \vec{E}_k\}$, si crea una misura di performance utilizzando la tecnica dei minimi quadrati con la seguente formula:

$$\min_{\vec{\theta}} \left\{ \sum_k \| \vec{Y}_k - \vec{F}(\vec{E}_k, \vec{\theta}) \|^2 \right\}$$

dove:

$\vec{F}(\vec{E}_k, \vec{\theta})$ è la misura di fitting
 $\vec{\theta} = (c, d, f, g)$ è il vettore dei parametri

Questo approccio è molto limitato: a seconda dell'intervallo temporale esaminato si possono ottenere fitting completamente diversi.

2) MODELLAZIONE ESPLICATIVA:

I modelli esplicativi (o esploratori) sono derivati da leggi fisiche / chimiche / biologiche universali.

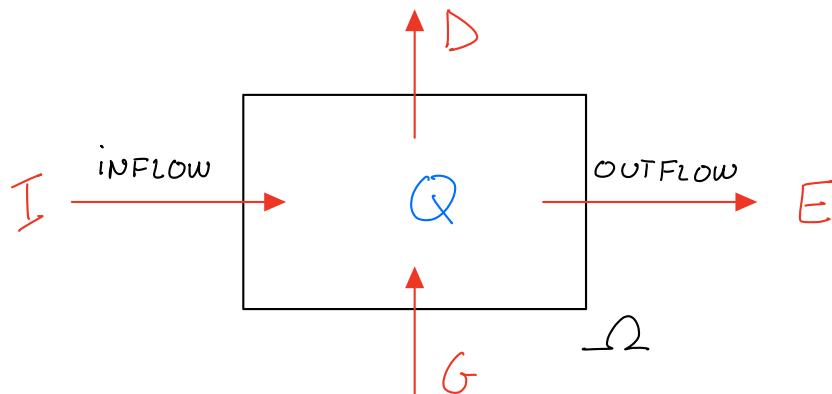
Per modellizzare un fenomeno fisico/biologico è necessario:

- identificare i PARAMETRI e le VARIABILI d'interesse.
- identificare la DIMENSIONALITÀ di tali parametri/variabili: è importante passare da un modello DIMENSIONALE ad un modello A-DIMENSIONALE (a-dimensionalizzazione del problema)
- è sempre necessario assicurarsi che il modello non venga definito dalla matematica

bessi dal processo fisico - biologico (per esempio, bisogna assicurarsi che il modello rispetti sempre i **principi fondamentali** della fisica e della biologia quale la conservazione della massa, la dissipazione dell'energia ecc.)

LEGGI DI BILANCIO

Numerosi modelli si basano sulla descrizione / spiegazione del bilancio di una quantità osservata. Tale bilancio / cambiamento è naturalmente descritto da una variazione e, quindi, da **MODELLI DIFFERENZIALI**. Sia Q la **quantità osservata** (es. individui, animali, inquinante in un lago), allora la sua variazione nel tempo in un **volume FINITO e DEFORMABILE** Ω è dato dal seguente modello:



$$(1) \frac{dQ}{dt} = I - E + G - D$$

Dove:

- 1) I ($=$ **immigration**) è il tasso con il quale Q entra nel dominio Ω

2) E ($=:$ Emigration) è il tasso con il quale Q esce dal dominio Ω

3) G ($=:$ Growth) è il tasso con il quale Q cresce nel dominio Ω

3) D ($=:$ Death) è il tasso con il quale Q decresce nel dominio Ω

\Rightarrow L'equazione (1) indica quanto Q varia in Ω

N.B.

Ω può rappresentare un tempo, uno spazio etc...

Esempio (Tassi costanti):

Nel caso in cui i tassi I, E, G, D siano costanti il modello diventerebbe lineare.

$$\frac{dQ}{dt} = I - E + G - D = v \text{ (costante)}$$

$t \geq 0$:

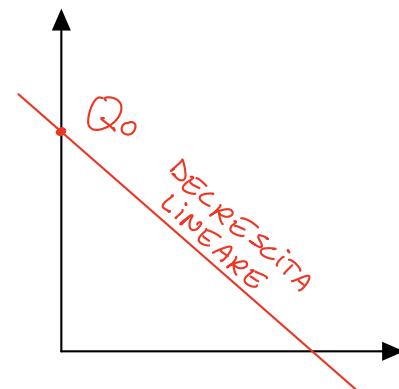
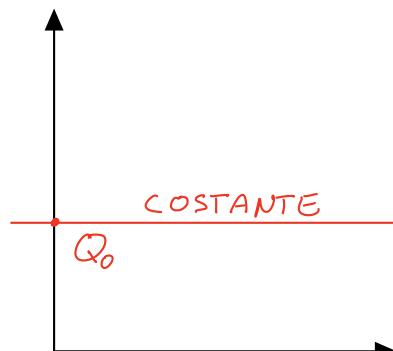
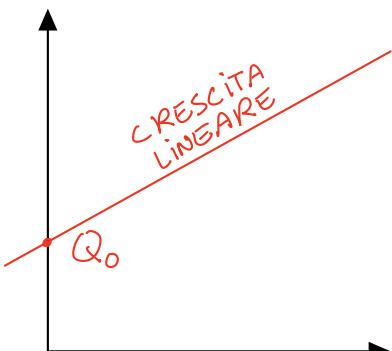
$$\begin{cases} \frac{dQ}{dt} = v \\ Q(0) = Q_0 \end{cases} \Rightarrow Q(t) = Q_0 + vt$$

\Rightarrow si hanno quindi 3 casi, a seconda del segno di v :

1) $v > 0$

2) $v = 0$

3) $v < 0$



Esempio:

Sia V il volume di sangue in un corpo e $C(t)$ la concentrazione di agenti chimici antitumorali presenti nel sangue al tempo t . Mediante chemioterapia ad un paziente è iniettata una dose di chemio al tasso I . Il corpo assorbe la dose proporzionalmente alla sua concentrazione di costante di proporzionalità K . Qual è la concentrazione $C(t)$ nel sangue al tempo t , dato $C(0) = 0$?

1) $[C(t)] = \frac{mg}{dl}$ concentrazione

2) $[I] = \frac{mg}{h}$ tasso di iniezione

3) $[K] = (h)^{-1}$

Se $M(t)$ è la quantità di massa racchiusa in V , dalla Legge di Lavoisier (1783) si ha:

$$M(t) = C(t) \cdot V$$

(Conservazione della massa)

\Rightarrow la legge di bilancio è data da:

$$\frac{dM(t)}{dt} = \text{tasso di massa entrante} - \text{tasso di massa assorbita}$$

\Rightarrow si ha quindi:

$$\frac{dM(t)}{dt} = I - KM(t)$$

\Rightarrow ponendo a sistema le 2 equazioni trovate si ha:

$$\begin{cases} M(t) = C(t) \cdot V \\ \frac{dM(t)}{dt} = I - K \cdot M(t) \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} C(t) = \frac{M(t)}{V} \\ \frac{dM(t)}{dt} = I - K \cdot C(t) \cdot V \end{cases}$$

$$\Rightarrow \frac{dC(t)}{dt} = \frac{1}{V} (I - K \cdot C(t) \cdot V) = \frac{I}{V} - K \cdot C(t)$$

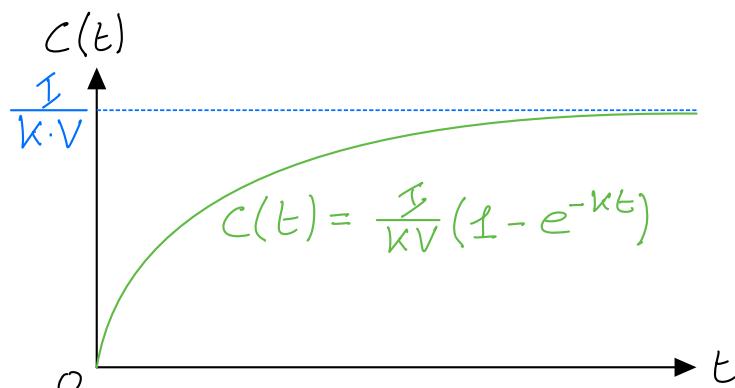
Quindi la legge di bilancio della concentrazione $C(t)$ è:

$$\begin{cases} \frac{dC(t)}{dt} = \frac{I}{V} - K \cdot C(t) \\ C(0) = 0 \end{cases}$$

Risoluzione:

$$\begin{aligned} &\Rightarrow poniamo \quad y(t) = \frac{I}{V} - K \cdot C(t) \Leftrightarrow \frac{dy}{dt} = -K \frac{dC(t)}{dt} \\ &\Rightarrow -\frac{1}{K} \frac{dy}{dt} = y \Rightarrow \frac{dy}{dt} = -ky \Rightarrow y(t) = y(0) e^{-kt} \\ &\Rightarrow y(0) e^{-kt} = \frac{I}{V} - KC(t), \quad y(0) = \frac{I}{V} - K \cancel{C(0)} = \frac{I}{V} \\ &\Rightarrow \frac{I}{V} e^{-kt} = \frac{I}{V} - K \cdot C(t) \\ &\Rightarrow C(t) = \frac{I}{K \cdot V} (1 - e^{-kt}) \end{aligned}$$

Grafico:



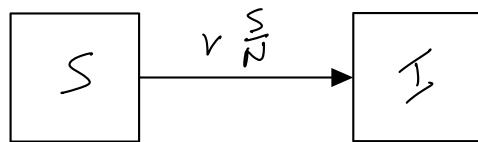
Esempio (Dinamiche epidemiologiche):

Supponiamo di osservare una popolazione di $N > 0$ individui, di cui I_0 sono infetti ed i rimanenti

$S_0 = N - I_0$ sono sani ma suscettibili. Vogliamo descrivere l'andamento del numero di infetti $I(t)$ assumendo che valgano le seguenti condizioni:

- 1) Non si verificano decessi e/o morte
 - 2) l'influenza non si esaurisce su ogni individuo
 - 3) il tasso di infestazione è proporzionale al numero di incontri tra sani ed infetti con un coefficiente di proporzionalità pari ad r
- \Rightarrow il tempo di osservazione è breve !!!

MODELLO S1 :



$[r] = h^{-1}$, $[S] = [I] = \text{individui}$

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dI}{dt} = r \frac{S}{N} I = r \cdot \frac{(N-I)}{N} \cdot I = r(1 - \frac{I}{N})I \\ (N = S + I = \text{costante}) \\ I(0) = I_0, \quad S(0) = S_0 = N - I_0, \quad N > 0 \end{array} \right. \quad \text{MODELLO LOGISTICO}$$

che equivale a:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -r \frac{I}{N} S = -\frac{r}{N} (N-S)S = -r(1 - \frac{S}{N})S \\ (N = S + I = \text{costante}) \\ S(0) = S_0, \quad I(0) = I_0 = N - S_0, \quad N > 0 \end{array} \right.$$

si mostra che la soluzione del modello è

$$\left\{ \begin{array}{l} I(t) = \frac{N \cdot I_0 \cdot e^{rt}}{S_0 + I_0 e^{rt}} \\ I(0) = I_0 \end{array} \right.$$

$$\left\{ \begin{array}{l} S(t) = \frac{N \cdot S_0}{S_0 + I_0 e^{rt}} \\ S(0) = S_0 \end{array} \right.$$

N.B.

Notare come $S(t) \xrightarrow{t \rightarrow +\infty} 0$, $I(t) \xrightarrow{t \rightarrow +\infty} N$

MODELLO SIR:

Introduciamo la quantità $R(t)$ che rappresenta gli individui **RIMOSSI** (decessi, guarigioni, immunizzazioni):



Il modello diventa:

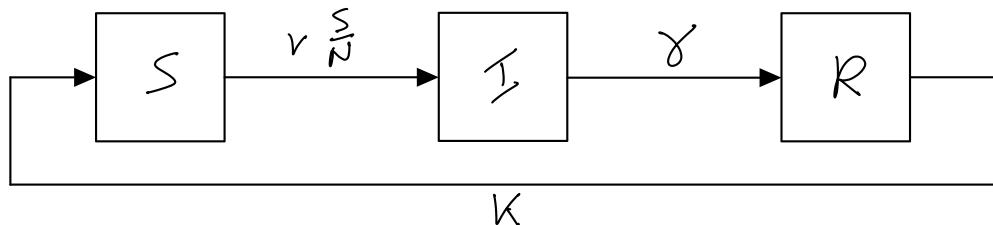
$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{rSI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{rSI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{array} \right.$$

La legge di conservazione è:

$$\frac{dN}{dt} = 0 \Leftrightarrow N = S + I + R = \text{costante}$$

VARIANTE SIR (1):

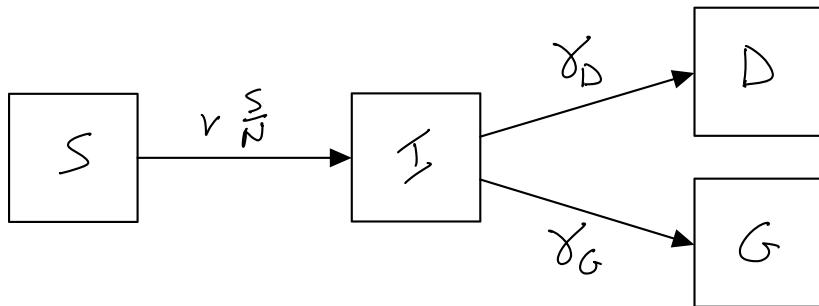
Nel caso in cui i rimossi possano infettarsi nuovamente con un tasso K il modello cambia:



$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{rSI}{N} + KR \\ \frac{dI}{dt} = \frac{rSI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - KR \end{array} \right.$$

VARIANTE SIR (2):

Dividiamo ora R in 2 classi: G (guariti) e D (deceduti)



Il modello diventa quindi:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -r \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = r \frac{SI}{N} - (\gamma_D + \gamma_G) I \\ \frac{dD}{dt} = \gamma_D I \\ \frac{dG}{dt} = \gamma_G I \end{array} \right.$$

Notare che deve essere sempre $\frac{dN}{dt} = 0$

MODELLO SIR CON ETA':

Supponiamo di voler classificare i suscettibili in base all'età (può essere utile per molte malattie).

Introduciamo la variabile indipendente a che rappresenta l'età dell'individuo:

$$S(t) \longrightarrow S(t, a)$$

con:

$$t \geq 0, a \in [0, a_{\max}]$$

Applichiamo tale modifica al modello SIR classico,

in tal modo, $S(t, \alpha)$ diventa una funzione **NON LINEARE**:

$$\frac{dS(t, \alpha)}{dt} = -S(t, \alpha) \int \beta(\alpha, \alpha_*) \cdot \frac{I(t, \alpha_*)}{N} d\alpha_*$$

Esempio (Modelli di Reazione-Diffusione):

Sia $u(t, x)$ la concentrazione di individui al tempo t in posizione x . Vogliamo studiare le variazioni di tale concentrazione in base alle risorse disponibili ed ai movimenti migratori.

Si ha:

$$x \in \Omega \subseteq \mathbb{R}, u \in \mathbb{R},$$

$$\partial_t u = \underbrace{f(u)}_{\text{reazione}} + \underbrace{D_u \partial_{xx} u}_{\text{diffusione}}$$

Questo tipo di modelli viene utilizzato per trattare le seguenti situazioni:

- 1) crescita tumorale
 - 2) chemiotassi
 - 3) pattern sulla pelliccia degli animali
- etc.
-