

## Sommario

La tesi verte sullo studio di un modello dinamico per l'evoluzione delle epidemie su reti complesse. Ci si è concentrati in particolare sull'estensione del modello *SIR*, sviluppato da William O. Kermack e Anderson G. McKendrick nel 1927, al caso di reti che codificano informazioni relative alle modalità di trasmissione della malattia. Per far fronte all'aumento di complessità computazionale per questi modelli si è discusso dell'approccio presentato da Kiss, Morris, Sélley, Simon e Wilkinson (J. Math. Biol., 2015) per la riduzione del numero di equazioni differenziali da risolvere. In particolare si è trattata la questione dell'ottenimento di modelli ridotti che garantissero l'esattezza della soluzione rispetto all'insieme completo di equazioni. A questo scopo si è discusso della relazione tra le proprietà topologiche della rete (grado dei vertici, connettività e separazione) e quelle delle equazioni differenziali ordinarie definite su di essa.

Per validare i risultati presentati nella tesi e per discutere delle difficoltà computazionali incontrate nel trattamento di questo problema su larga scala, abbiamo effettuato delle sperimentazioni numeriche, utilizzando MATLAB, su reti sintetiche e reali.

Tutti i codici utilizzati nella tesi sono scaricabili dal repository al link:

<https://github.com/simmaco99/Tesi>.