



UNIVERSITÀ DI PISA

Dipartimento di Matematica
Corso di Laurea Triennale in Matematica

Tesi di Laurea

Il Modello Epidemiologico SIR sulle Reti Complesse

Relatore:
Dott. Fabio Durastante

Candidato:
Simmaco Di Lillo

Anno Accademico 2020/2021

Introduzione

Mi auguro solo che in una questione che riguarda così da vicino il bene dell'umanità, si decida con la piena consapevolezza che un po' di analisi e di calcolo possono fornire.

D. Bernoulli

Il tema della dinamica delle malattie infettive è stato ed è uno delle più ricche aree di applicazione della matematica in ambito biologico. Le epidemie hanno da sempre afflitto il genere umano. Da Tucidide e Lucrezio che ci hanno raccontato, con molta tragicità, dell'epidemia che nel 430 a.C. colpì la città di Atene; alla peste, chiamata "morte nera", che terrorizzò l'Europa dal 1347 al 1352 producendo 20 milioni di vittime [10] e la diminuzione di un terzo della popolazione del continente [1]. In epoche più recenti il colera, l'influenza spagnola, l'influenza suina e molte altre lungo i secoli fino ad arrivare ai giorni nostri con la pandemia di COVID-19.

La formulazione di un modello matematico nello studio di una malattia è utile a chiarificare le ipotesi, le variabili e i parametri in gioco con il fine di valutare i possibili effetti della malattia sulla popolazione. Tali analisi rendono possibili importanti scelte sull'immunizzazione (vaccinazione, chiusure, terapie, ...) e sulla distribuzione di risorse.

Storicamente, la prima trattazione matematica in ambito epidemiologico è attribuita a Daniel Bernoulli (1700-1782), il quale, servendosi di un'argomentazione teorica basata sulla crescita esponenziale, mostrò i vantaggi possibili ottenibili da una vaccinazione preventiva [2]¹. L'interesse del matematico francese per il vaiolo, deriva dal fatto che verso la fine del diciottesimo secolo, questa malattia era un'emergenza molto attuale: in Europa era la prima causa di morte con 400.000 decessi annui [7] e aveva colpito pesantemente anche la famiglia del re Luigi XIV.

¹Questo articolo è una revisione commentata dell'articolo originale di D. Bernoulli.

Attualmente il paradigma di riferimento per la descrizione matematica delle epidemie è il modello proposto nel 1927 dagli scienziati scozzesi William O. Kermack e Anderson G. McKendrick [4]. Tale modello, che verrà analizzato nel primo capitolo, riuscì a spiegare la rapida crescita e successiva decrescita del numero di infetti osservabili in alcune epidemie.

Nella formulazione di un modello, inoltre, diviene cruciale la rappresentazione matematica della “rete dei contatti”; nel secondo capitolo, riprendendo il lavoro svolto da Kiss [5], useremo la teoria dei grafi per applicare il modello di Kermack-McKendrick a delle reti sociali.

Infine, nel terzo capitolo, effettueremo delle sperimentazioni numeriche su delle reti reali mettendo in pratica quanto esposto nel capitolo precedente.

Tutti i codici utilizzati nella tesi sono scaricabili dal repository al link: [link](#).

1 — Epidemiologia matematica e reti

1.1 — Il modello SIR

Il modello SIR è un modello compartimentale: la popolazione viene suddivisa in tre classi:

- S : i *suscettibili* ovvero individui che possono contrarre la malattia;
- I : gli *infetti* ovvero coloro che sono ammalati;
- R : i *rimossi* ovvero quelli tolti dalle classi precedenti perchè completamente guariti (dunque immuni).

Tale modello si basa su alcune assunzioni.

- A1 Il numero della popolazione è costante nel tempo e verrà indicato con N , ovvero non si considerano nuove nascite o morti. Inoltre stiamo assumendo che N sia sufficientemente grande da poter considerare la variazione in ogni classe continua e non discreta.
- A2 Esiste un fattore di contatto β . Tale rapporto indica il valor medio di contatti per infettivo per unità di tempo.
- A3 Gli infetti lasciano la classe al tasso α per unità di tempo e vanno nella classe R , un individuo che entra nella classe R non uscirà da tale classe.

Da queste considerazioni segue che

$$\begin{aligned}S' &= -\beta SI, \\I' &= \beta SI - \alpha I, \\R' &= \alpha I.\end{aligned}\tag{1.1}$$

Poichè abbiamo assunto che $N = S + I + R$ sia costante, il sistema precedente risulta equivalente a

$$\begin{aligned}S' &= -\beta SI, \\I' &= \beta SI - \alpha I.\end{aligned}\tag{1.2}$$

Studiamo cosa succede se introduciamo un piccolo numero di infetti in una popolazione di suscettibili, ovvero consideriamo il sistema (1.2) con le condizioni iniziali

$$\begin{aligned} I(0) &= I_0 > 0, \quad I_0 \ll N \text{ e} \\ S(0) &= S_0 = N - I_0. \end{aligned}$$

Da (1.2) osserviamo che $S' < 0$ per ogni tempo t , mentre $I' > 0$ se e solo se $\frac{\beta S}{\alpha} > 1$.

Definiamo

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\alpha}$$

il *numero di riproduttività di base*. Esso rappresenta il numero di individui infettati all'interno di una popolazione di suscettibili.

Tale valore ci permette di descrivere la fase iniziale dell'epidemia:

- se $\mathcal{R}_0 < 1$ allora l'epidemia si estingue infatti sotto queste condizioni $I'(t) < 0$ per ogni tempo t ,
- se $\mathcal{R}_0 > 1$ allora I inizialmente aumenta e dunque l'epidemia ha inizio.

Studiamo ora gli equilibri del sistema autonomo di equazioni differenziali (1.2). Sommando le due equazioni che definiscono tale sistema otteniamo

$$(S + I)' = -\alpha I. \quad (1.3)$$

Ora $S + I$ è una funzione non negativa, decrescente dunque ammette un limite. Poichè la derivata di una funzione decrescente e limitata deve tendere a 0 si ha

$$I(t) \rightarrow 0.$$

Da queste due osservazioni si ha

$$S(t) \rightarrow S_\infty.$$

Integrando da 0 a $+\infty$ in (1.3) otteniamo

$$\alpha \int_0^{+\infty} I(t) \, dt = - \int_0^{+\infty} (S(t) + I(t))' \, dt = N - S_\infty.$$

In (1.2), dividendo per S e integrando da 0 a T otteniamo

$$\log \frac{S_0}{S_\infty} = \beta \int_0^{+\infty} I(t) \, dt = \frac{\beta}{\alpha} (N - S_\infty) = \mathcal{R}_0 \left(1 - \frac{S_\infty}{N} \right). \quad (1.4)$$

L'equazione (1.4) prende il nome di *relazione di dimensione finale* infatti fornisce una relazione tra il numero \mathcal{R}_0 e la dimensione dell'epidemia, ovvero il numero di membri che sono stati infetti nel corso dell'epidemia: $N - S_\infty$.

Osservazione 1. Poichè il lato destro della (1.4) è finito lo è anche il lato sinistro: $S_\infty > 0$ ovvero finita l'epidemia esisteranno ancora degli individui suscettibili.

Proposizione 1.1.1. La relazione finale (1.4) ha un'unica soluzione.

Dimostrazione. Sia

$$g(x) = \log \frac{S_0}{x} - \mathcal{R}_0 \left(1 - \frac{x}{N}\right),$$

ora

$$\lim_{x \rightarrow 0^+} g(x) > 0 \text{ e } g(N) = \log \frac{S_0}{N} < 0,$$

mentre

$$g'(x) = -\frac{1}{x} + \frac{\mathcal{R}_0}{N} < 0 \quad \Leftrightarrow x < \frac{N}{\mathcal{R}_0}.$$

- Se $\mathcal{R}_0 \leq 1$, allora $N < \frac{N}{\mathcal{R}_0}$ dunque g decresce da un valore positivo in 0^+ fino ad un valore negativo in N .

In questo caso $g(x)$ ammette un'unico zero S_∞ con $S_\infty < N$.

- Se $\mathcal{R}_0 > 1$, allora $g(x)$ è monotona decrescente da un valore positivo in 0^+ fino al minimo in $\frac{N}{\mathcal{R}_0}$.

Ora

$$g\left(\frac{S_0}{\mathcal{R}_0}\right) = \log \mathcal{R}_0 - \mathcal{R}_0 + \frac{S_0}{N} \leq \log \mathcal{R}_0 \leq \mathcal{R}_0 + 1 < 0,$$

dove la penultima disuguaglianza deriva da $\log x < x - 1$ se $x > 0$.

Dunque $g(x)$ ha un unico zero in S_∞ con $S_\infty < \frac{N}{\mathcal{R}_0}$.

□

Andiamo ora a descrivere le orbite delle soluzioni nel piano (S, I) .
Dividendo per S l'equazione (1.2) e integrando tra 0 a t otteniamo

$$\log \frac{S_0}{S(t)} = \beta \int_0^{+\infty} I(t) \, dt = \frac{\beta}{\alpha} (N - S(t) - I(t)).$$

Per poter studiare il modello occorre stimare i parametri.

Il fattore β è di difficile stima: dipende dalla malattia in esame e, in particolare modo, da fattori sociali e comportamentali.

I valori di S_0 e S_∞ possono essere ricavati tramite test sierologici (misurazione della risposta immunitaria tramite analisi del sangue): da questi valori usando la (1.4) possiamo stimare \mathcal{R}_0 .

Questa stima tuttavia è a posteriori, cioè può essere ricavata solamente dopo che l'epidemia ha fatto il suo corso.

Un altro modo per stimare β può essere ricavato dalla seguente approssimazione

$$I' = (\beta N - \alpha) I,$$

da cui si ottiene che il numero degli infetti cresce esponenzialmente con un tasso di crescita

$$r = \beta N - \alpha = \alpha (\mathcal{R}_0 - 1),$$

ricavabile dall'incidenza della malattia all'inizio dell'epidemia.

Otteniamo così

$$\beta = \frac{r + \alpha}{N}.$$

Oltre ai parametri α, β due misure fondamentali nello studio dell'epidemia sono l'incidenza e la prevalenza. Usiamo la definizione data dal comitato di esperti dell'OMS [6].

La *prevalenza* indica il numero di individui malati in una determinata popolazione, senza nessuna distinzione tra nuovi e vecchi casi. La prevalenza può essere registrata in un determinato momento (prevalenza puntuale) o durante un determinato periodo di tempo (periodo di prevalenza). La “prevalenza puntiforme” è solitamente espressa come una frazione, il denominatore è il numero della popolazione.

L'*incidenza* è il numero di individui che si ammalano durante un dato periodo in una specifica popolazione. L'incidenza è solitamente espressa come frazione, il denominatore è il numero medio di persone nella popolazione.

Osservazione 2 (Immunizzazione). *Se un gruppo di infetti viene introdotto in una popolazione, è possibile ridurre l'impatto dell'epidemia diminuendo \mathcal{R}_0 .*

Una strategia può essere tramite l'immunizzazione, il cui scopo è quello di trasferire membri della popolazione della classe S a quella R , così facendo viene ridotto il numero S_0 e dunque anche \mathcal{R}_0 .

Supponiamo che una frazione p della popolazione sia immunizzata: il numero dei suscettibili passa da S_0 a $S_0(1 - p)$.

Se inizialmente il numero di riproduzione di base era $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$, nella nuova situazione diventa $\mathcal{R}_0'' = \frac{\beta N(1-p)}{\alpha}$ da cui si ha che

$$\frac{\beta N(1-p)}{\alpha} < 1 \quad \Leftrightarrow \quad p > 1 - \frac{\alpha}{\beta N} = 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}.$$

1.1.1 Un esempio

Analizziamo i dati della peste bubonica del 1665 – 66 nel villaggio di Eyam in Inghilterra [8].

I membri del villaggio hanno annotato giorno per giorno il numero di decessi. Per appianare alcune significative variazioni giornaliera nel tasso di mortalità, Raggett [8] ha raccolto i dati con una cadenza di $15\frac{1}{2}$ giorni a partire dal 18 Giugno del 1666 (vedi Tabella 1.1).

Tabella 1.1: Popolazione di deceduti e rimossi.

Periodo (1666)	Deceduti	Rimossi (alla fine del periodo)
19 Giugno-3/4 Luglio	11.5	11.5
4/5 Luglio-19 Luglio	26.5	38
20 Luglio-3/4 Agosto	40.5	78.5
4/5 Agosto-19 Agosto	41.5	120
20 Agosto-3/4 Settembre	25	145
4/5 Settembre-19 Settembre	11	156
20 Settembre-4/5 Ottobre	11.5	167.5
5/6 Ottobre-20 Ottobre	10.5	178

Prendendo come periodo medio di infezione 11 giorni, possiamo stimare il numero degli infetti. Alla fine di ogni intervallo di tempo il numero di infetti è dato analizzando il diario dei decessi degli 11 giorni successivi. Sfruttando la relazione

$$N = S(t) + I(t) + R(t),$$

otteniamo la Tabella 1.2.

Tabella 1.2: Numero di suscettibili ed infetti. Dati reali.

$S(0) = 254$ $I(0) = 7$ e $N = 261$		
Data (1666)	S	I
3/4 Luglio	235	14.5
19 Luglio	201	22
3/4 Agosto	153.5	29
19 Agosto	121	20
3/4 Settembre	108	8
19 Settembre	97	8
4/5 Ottobre	Sconosciuti	Sconosciuti
20 Ottobre	83	0

Ora sfruttando (1.4) otteniamo $\frac{\alpha}{\beta} \simeq 159$.

Simulando il modello (1.2) con condizioni iniziali $S(0) = 254$ e $I(0) = 7$, utilizzando come parametri $\alpha = 2.73$ e $\beta = 0.0178$ troviamo i risultati in Tabella 1.3 e i grafici di S , I e R come funzioni del tempo (Figura 1.1(a)).

La Figura 1.1(b) mostra i punti reali insieme al ritratto di fase per il modello (1.2): notiamo che i dati effettivi sono notevolmente vicini alle previsioni ottenute.

Tabella 1.3: Numero di suscettibili ed infetti. Dati sperimentali.

$$S(0) = 254 \quad I(0) = 7 \quad e \quad N = 261$$

Data (1666)	S	I
3/4 Luglio	230	15
19 Luglio	190	26
3/4 Agosto	147	30
19 Agosto	115	24
3/4 Settembre	96	15
19 Settembre	86	9
4/5 Ottobre	81	4
20 Ottobre	78	2

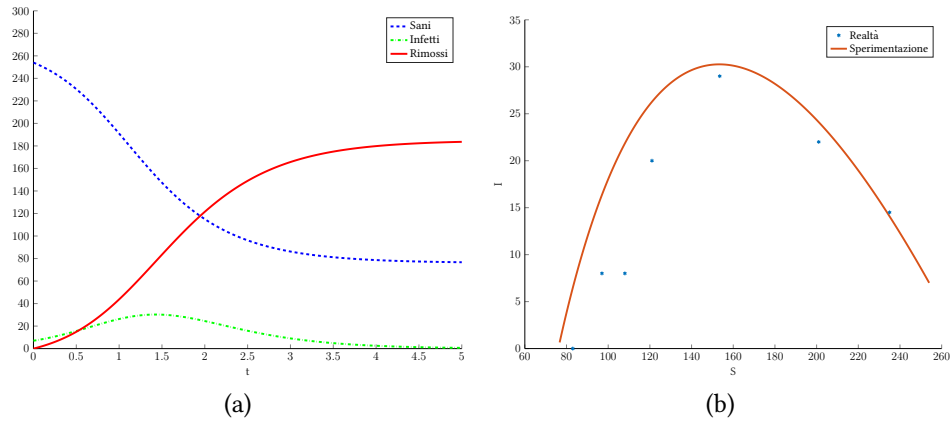


Figura 1.1: Popolazione delle singole classi in funzioni del tempo (a) e orbite nel piano (S, I) (b). Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, il problema di Cauchy (1.2) con condizioni iniziali $S(0) = 254$, $I(0) = 7$. Per quanto riguarda i parametri, abbiamo considerato $\alpha = 2.73$ e $\beta = 0.0178$.

1.2 — Reti complesse e grafi

Molti sistemi che si basano su interazioni tra soggetti sono rappresentabili e visualizzabili, in maniera naturale, come network dove i nodi rappresentano gli individui e gli archi le interazioni.

In questa sezione andremo a definire formalmente un grafo e alcune nozioni rilevanti.

Un *grafo* è una coppia $G = (V, E)$ dove:

- V è detto insieme dei *vertici* o nodi;
- $E \subseteq V \times V$ è l'insieme degli *archi* o link.

Diremo che un grafo è *non orientato* se ogni arco appare in entrambe le direzioni, altrimenti diremo che è un grafo *diretto* o *orientato*.

Per visualizzare un grafo si può usare una rappresentazione come in Figura 1.2: cerchi, i vertici, connessi da frecce, nel caso di grafi diretti, oppure da segmenti, per grafi non orientati.



Figura 1.2: Due esempi di grafi.

È possibile codificare un grafo, con un numero finito di nodi, attraverso una matrice detta matrice di adiacenza.

Supponiamo $|V| = N$ dunque esiste una biezione $\phi : \{1, \dots, N\} \rightarrow E$.

La *matrice di adiacenza* di G è la matrice $H_G = (g_{ij})$ dove

$$g_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{se } (\phi(i), \phi(j)) \in E \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}.$$

Un esempio di matrice di adiacenza è riportata nella Figura 1.3.



Figura 1.3: Grafo e matrice di adiacenza del toast.

Un grafo G si dice *pesato* se ad ogni suo arco è associato un'etichetta. Formalmente, $G = (V, E)$ si dice grafo pesato se esiste una funzione $p : E \rightarrow P$ dove P è un insieme. Generalmente $T = \mathbb{R}$.

Dato un grafo $G = (V, E)$, un cammino P che connette i vertici $u, v \in V$ è una sequenza di vertici

$$P = (v_0, \dots, v_n)$$

dove $\forall i = 0, \dots, n-1$ si ha $(v_i, v_{i+1}) \in E$, $v_0 = u$ e $v_n = v$.

Un grafo si dice *fortemente connesso* se per ogni coppia di nodi (u, v) esiste un cammino che li congiunge.

Definiamo il *diametro* di un grafo come la distanza massima tra due nodi, la distanza è il numero di archi di un cammino.

Nello studio della diffusione di una malattia in una città, è irrealistico sperare di conoscere l'esatta matrice di adiacenza. Supporremo, dunque, che la propagazione della malattia sia governata solamente da alcune misure qualitative delle rete che andiamo a presentare.

Definiamo il *grado uscente* (*out-degree*) del nodo i come il numero di archi che partono dal nodo i . In termini della matrice di adiacenza

$$k_i^{out} = \sum_{j=1}^N g_{ij}.$$

Analogamente il *grado entrante* (*in-degree*) è il numero di archi che arrivano al nodo:

$$k_i^{in} = \sum_{j=1}^N g_{ji}.$$

Nel caso di grafi non orientati si ha $k_i^{out} = k_i^{in}$ che denoteremo, semplicemente, con k_i .

Il *grado medio* di un grafo è la quantità

$$\langle K \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i.$$

Sia L il numero di gradi differenti e siano $\{d_1, \dots, d_L\}$ i possibili gradi.

Sia N_ℓ il numero di vertici con grado d_ℓ allora il *grado di distribuzione* del grado ℓ è la quantità

$$p_\ell = \frac{N_\ell}{N}.$$

Se tutti i vertici hanno lo stesso grado, diremo che il grafo è *regolare*.

Andiamo, ora, a definire una misura che ci permette di capire come nodi con gradi diversi sono collegati.

Sia L il numero di gradi differenti che denotiamo con $\{d_1, \dots, d_L\}$.

Definiamo i *mixing coefficients* (coefficienti di miscelamento) $n_{\ell j}$ come il numero di collegamenti tra nodi di grado d_ℓ e nodi di grado d_j .

Osserviamo che i due coefficienti definiti non caratterizzano, a meno di isomorfismo, un grafo: in Figura 1.4 sono presentati due grafi con gli stessi coefficienti di miscelamento e medesimo grado di distribuzione che non sono, tuttavia, isomorfi avendo numero diverso di triangoli.

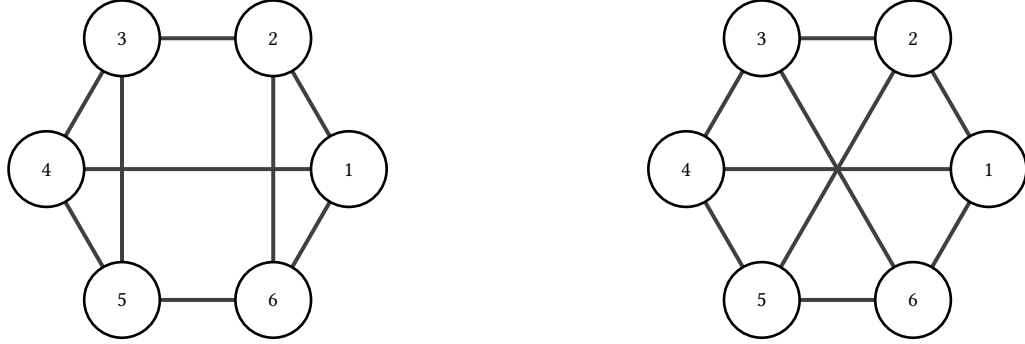


Figura 1.4: Il grado di distribuzione ed il coefficiente di miscelamento non identificano grafi a meno di isomorfismo. I due grafi in figura non sono isomorfi (avendo il numero di triangoli differenti) ma hanno lo stesso grado di distribuzione e coefficiente di miscelamento.

Presentiamo una misura del grado in cui i nodi di un grafo tendono a raggrupparsi insieme, di tale misura esiste una versione locale ed una globale.

Definiamo l'*intorno* del nodo i come l'insieme dei nodi con cui i è direttamente connesso:

$$N_i = \{j \in V : (i, j) \in E \vee (j, i) \in E\},$$

poniamo $s_i = |N_i|$.

Il coefficiente di *clustering locale* (raggruppamento locale) per i grafi diretti è il numero

$$C_i = \frac{|\{(j, k) \in E : j, k \in N_i\}|}{s_i(s_i - 1)},$$

ovvero il numero di collegamenti tra i membri di N_i fratto il numero di collegamenti potenziali fra loro, è $s_i(s_i - 1)$.

Nei grafi non orientati il numero dei collegamenti potenziali è la metà e dunque il coefficiente è

$$C_i = \frac{2 \cdot |\{(j, k) \in E : j, k \in N_i\}|}{s_i(s_i - 1)}.$$

Il coefficiente di *clustering globale* è il numero delle triple chiuse (tre nodi connessi da tre collegamenti) fratto il numero totale di triple.

2 — Il modello SIR *bottom-up* su una rete

2.1 — Un primo esempio

Vediamo come è possibile applicare il modello *SIR* ad un semplice grafo con 3 nodi (vedi Figura 2.1).

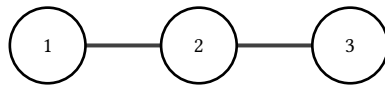


Figura 2.1: Grafo con 3 nodi.

Fissiamo la notazione:

- $\langle S_i \rangle(t)$ denota la probabilità che il nodo i sia suscettibile al tempo t ;
- $\langle I_i \rangle(t)$ denota la probabilità che il nodo i sia infetto al tempo t ;
- $\langle R_i \rangle(t)$ denota la probabilità che il nodo i sia rimosso al tempo t ;
- $(\langle I_i \rangle + \langle R_i \rangle)(t)$ denota la probabilità che il nodo i sia infetto o rimosso al tempo t ;
- $\langle S_i I_j \rangle(t)$ denota la probabilità che il nodo i sia sano e il nodo j sia infetto al tempo t .

In analogia a quanto fatto in 1.1 si ha che:

- ogni nodo i può diventare infetto se è suscettibile e almeno uno dei suoi vicini è infetto. Per ogni suo vicino infetto i diventa infetto con un tasso di τ ;
- una volta infettato, ogni nodo diventa rimosso con un tasso di γ indipendentemente dallo stato di qualsiasi altro nodo.

Passiamo ora allo studio del grafo 2.1.

- Poichè il nodo 1 ha come vicino solamente il nodo 2 la probabilità che possa infettarsi è $\langle S_1 I_2 \rangle$. $\langle S_1 \rangle$ diminuisce con un tasso di $\tau \langle S_1 I_2 \rangle$.
- Il nodo 2 ha due possibili fonti d'infezione: i nodi 1 e 2. Il suo tasso d'infezione è, dunque, $\tau (\langle S_2 I_1 \rangle + \langle S_2 I_3 \rangle)$.
- Il tasso d'infezione relativo al nodo 3 è, in analogia a quanto visto per il nodo 1, $\tau \langle S_3 I_2 \rangle$.

Mettendo insieme questi punti e ricordando il tasso di rimozione otteniamo il seguente sistema di equazioni differenziali:

$$\begin{aligned} \langle \dot{S}_1 \rangle &= -\tau \langle S_1 I_2 \rangle, & \langle \dot{I}_1 \rangle &= \tau \langle S_1 I_2 \rangle - \gamma \langle I_1 \rangle, & \langle \dot{R}_1 \rangle &= \gamma \langle I_1 \rangle, \\ \langle \dot{S}_2 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle I_3 S_2 \rangle), & \langle \dot{I}_2 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle I_3 S_2 \rangle) - \gamma \langle I_2 \rangle, & \langle \dot{R}_2 \rangle &= \gamma \langle I_2 \rangle, \\ \langle \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \langle I_2 S_3 \rangle, & \langle \dot{I}_3 \rangle &= \tau \langle I_2 S_3 \rangle - \gamma \langle I_3 \rangle, & \langle \dot{R}_3 \rangle &= \gamma \langle I_3 \rangle. \end{aligned}$$

Analizzando attentamente il sistema possiamo notare che le equazioni per $\langle R_i \rangle$ possono essere rimosse infatti

$$\forall i \in \{1, 2, 3\} \quad \forall t \geq 0 \quad \langle R_i \rangle(t) = 1 - (\langle S_i \rangle + \langle I_i \rangle)(t).$$

Osserviamo, inoltre, che il sistema precedente non è chiuso: abbiamo altre quantità (come ad esempio: $\langle S_1 I_2 \rangle$), dunque, dobbiamo conoscere come esse evolvono nel tempo. Servono altre equazioni.

Usando argomenti simili a quanto fatto per i nodi otteniamo il sistema

$$\begin{aligned} \langle \dot{S}_1 I_2 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 \rangle, \\ \langle \dot{I}_1 S_2 \rangle &= -\tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle, \\ \langle \dot{S}_2 I_3 \rangle &= -\tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_2 I_3 \rangle, \\ \langle \dot{I}_2 S_3 \rangle &= \tau \langle I_1 S_2 S_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_2 S_3 \rangle. \end{aligned}$$

Anche tale sistema non è chiuso: richiede ulteriori informazioni sulle triple.

Aggiungendo le equazioni necessarie otteniamo il sistema

$$\begin{aligned}
\langle \dot{S}_1 \rangle &= -\tau \langle S_1 I_2 \rangle, & \langle \dot{S}_1 I_2 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 \rangle, \\
\langle \dot{I}_1 \rangle &= \tau \langle S_1 I_2 \rangle - \gamma \langle I_1 \rangle, & \langle \dot{I}_1 S_2 \rangle &= -\tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle, \\
\langle \dot{S}_2 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle I_3 S_2 \rangle), & \langle \dot{I}_2 S_3 \rangle &= \tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle, \\
\langle \dot{I}_2 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle I_3 S_2 \rangle) - \gamma \langle I_2 \rangle, & \langle \dot{S}_2 I_3 \rangle &= -\tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle, \\
\langle \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \langle I_2 S_3 \rangle, & \langle \dot{S}_1 \dot{S}_2 I_3 \rangle &= -(\tau + \gamma) \langle S_1 S_2 I_3 \rangle, \\
\langle \dot{I}_3 \rangle &= \tau \langle I_2 S_3 \rangle - \gamma \langle I_3 \rangle, & \langle \dot{I}_1 \dot{S}_2 I_3 \rangle &= -(2\tau + 2\gamma) \langle I_1 S_2 I_3 \rangle, \\
& & \langle \dot{I}_1 \dot{S}_2 S_3 \rangle &= -(\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 S_3 \rangle.
\end{aligned} \tag{2.1}$$

Nella Figura 2.2 sono riportati i grafici dello stato dei nodi in funzione del tempo (a), (b), (c) e del grafico di prevalenza (d).

Per la sperimentazione, le condizioni iniziali sono state prese a partire da uno stato puro (1 infetto e 2, 3 sani):

$$\begin{aligned}
\langle S_1 \rangle(0) &= 0, \\
\langle I_1 \rangle(0) &= 1, \\
\langle S_2 \rangle(0) &= 1, \\
\langle I_2 \rangle(0) &= 0, \\
\langle S_3 \rangle(0) &= 1, \\
\langle I_3 \rangle(0) &= 0,
\end{aligned} \tag{2.2}$$

sotto le ipotesi di indipendenza statica delle condizioni iniziali (vedi [9]) ovvero

$$\langle A_i B_j \rangle(0) = \langle A_i \rangle(0) \langle B_j \rangle(0)$$

per $A, B \in \{S, I\}$ e $i, j = 1, 2, 3$.

Poichè $\langle S_1 \rangle(0) = 0$ si ha che $\langle S_1 \rangle(t) = 0$ è soluzione del problema di Cauchy. Osserviamo, inoltre, che $\langle I_2 \rangle(t) \geq \langle I_3 \rangle(t)$ infatti il nodo 2 ha due strade per infettarsi (di cui una inizialmente chiusa $\langle I_3 \rangle(0) = 0$) mentre il nodo 3 ne ha una sola (che inizialmente è chiusa).

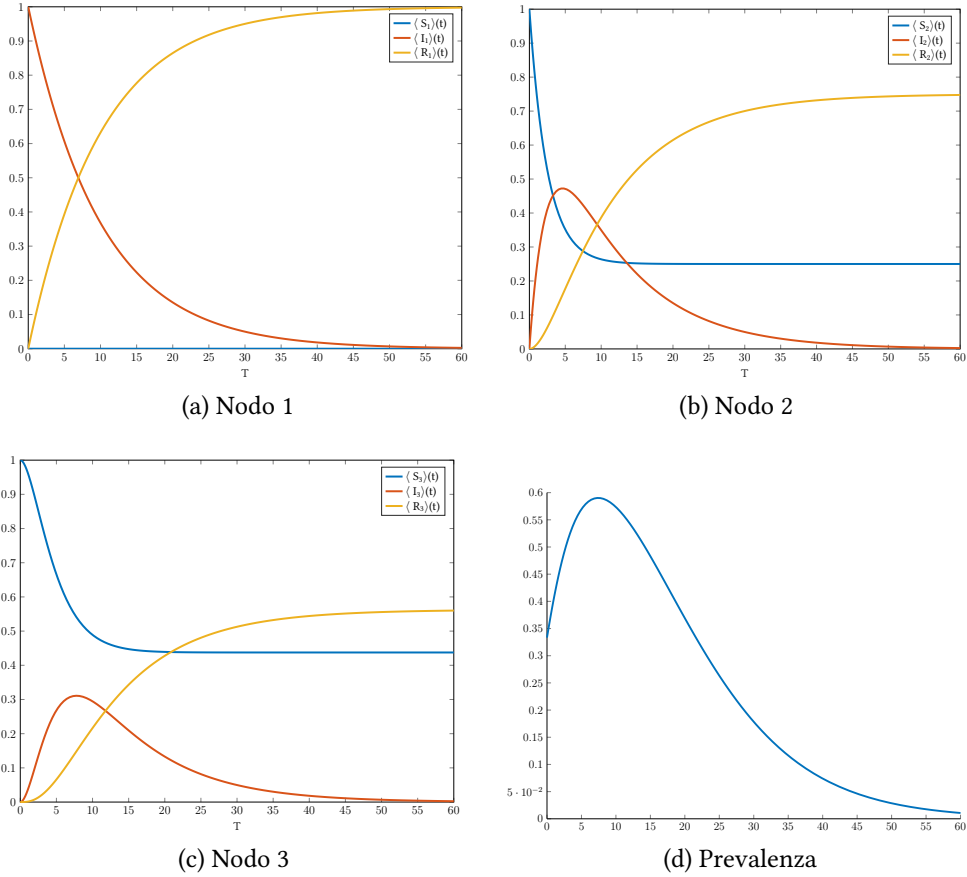


Figura 2.2: Divisione in classi nei singoli nodi (a)(b)(c) e grafico della prevalenza (d) per il grafo 2.1. Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, il problema di Cauchy (2.1) con condizioni iniziali di stati puri (2.2). Abbiamo, inoltre, supposto l'indipendenza statica delle condizioni iniziali. Per la sperimentazioni abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.

2.2 — Chiusure

Come già osservato nell'esempio introduttivo, il modello botton-up su una rete richiede un elevato numero di equazioni differenziali: le equazioni per i nodi dipendono dalle coppie, le coppie dalle triple e così via.

Tale approccio, al crescere del numero di nodi, risulterebbe computazionalmente intrattabile. Per risolvere questo problema dobbiamo trovare alcune semplificazioni che ci permettano di esprimere le coppie in termini dei singoli nodi, le triple in termini delle coppie e dei nodi e così via.

Se riusciamo a fare ciò, possiamo rompere la “cascata” nella quale ogni struttura dipende da tutte le strutture di ordine superiore.

Andiamo a presentare un approccio formale basato sul lavoro di Keeling [3] e van Baalen [11]. A tal fine introduciamo i *coefficienti di correlazione*.

Siano $A, B \in \{S, I, R\}$ e $(i, j) \in E$ allora

$$C_{A_i B_j} = \frac{\langle A_i B_j \rangle}{\langle A_i \rangle \langle B_j \rangle}.$$

Tali coefficienti quantificano la propensione che due nodi adiacenti abbiamo stato differente o identico.

Se $C_{A_i B_j} = 1$ allora possiamo, in modo equivalente, assumere A_i e B_j indipendenti.

Osserviamo che nel modello *SIR* gli stati non sono però indipendenti. I nodi infetti possono infettare i loro vicini dunque hanno una maggior probabilità di essere uniti ad altri nodi infetti, di conseguenza $C_{I_i I_j} \geq 1$. Diremo che I_i e I_j sono correlati positivamente.

Con medesime argomentazioni si arriva a dire che S_i e I_j sono correlati negativamente: $C_{S_i I_j} \leq 1$.

In un certo senso, sapere che j è infetto aumenta la nostra aspettativa che i sia infetto e diminuisce quella che sia sano.

2.2.1 Chiusura al livello delle coppie

Da quanto osservato nella parte introduttiva sulle chiusure, possiamo scrivere:

$$\langle A_i B_j \rangle = \langle A_i \rangle \langle B_j \rangle C_{A_i B_j} \text{ dove } A, B \in \{S, I, R\} \text{ e } (i, j) \in E.$$

Assumendo, in prima approssimazione, l'indipendenza a livello delle coppie abbiamo

$$\langle A_i B_j \rangle \approx \langle A_i \rangle \langle B_j \rangle.$$

Per enfatizzare che non abbiamo identità esatte, quando andremo a risolvere un sistema ottenuto usando le chiusure denoteremo con $\langle X_i \rangle$ l'approssimazione di $\langle S_i \rangle$ e con $\langle Y_i \rangle$ quella di $\langle I_i \rangle$.

Presentiamo il modello botton-up generale su una rete con N nodi senza loop e mostriamo come usando l'indipendenza a livello delle coppie si riesca ad ottenere un sistema di equazioni differenziali chiuse.

Sia $G = (g_{ij})$ la matrice di adiacenza del grafo G . Assumiamo che il tasso di trasmissione da i a j sia τg_{ij} e che il tasso di rimozione per il nodo i sia γ_i indipendentemente dallo stato di ogni altro nodo.

Dunque le equazione per il sistema diventano

$$\begin{aligned}\langle S_i \rangle &= - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle S_i I_j \rangle, \\ \langle I_i \rangle &= \tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle S_i I_j \rangle - \gamma_i \langle I_i \rangle,\end{aligned}\tag{2.3}$$

dove ricordiamo che $\langle R_i \rangle = 1 - \langle S_i \rangle - \langle I_i \rangle$.

Usando l'indipendenza a livello delle coppie otteniamo un sistema chiuso:

$$\begin{aligned}\langle X_i \rangle &= - \tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle X_i \rangle \langle Y_j \rangle, \\ \langle Y_i \rangle &= \tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle X_i \rangle \langle Y_j \rangle - \gamma_i \langle Y_i \rangle.\end{aligned}\tag{2.4}$$

Possiamo scrivere il sistema precedente in forma vettoriale:

$$\begin{aligned}\dot{\langle X \rangle} &= - \tau G X * Y, \\ \dot{\langle Y \rangle} &= \tau G X * Y - \Gamma Y,\end{aligned}\tag{2.5}$$

dove $\Gamma = \text{diag}(\gamma_1, \dots, \gamma_n)$ e il prodotto tra vettori è inteso elemento per elemento.

Nella Figura 2.3 possiamo confrontare le soluzioni del modello esatto con l'approssimazione ottenuta dall'indipendenza a livello delle coppie per il grafo 2.1. Per non appesantire i grafici abbiamo tracciato solamente $\langle S_i \rangle$ e $\langle I_i \rangle$ in funzione del tempo: $\langle R_i \rangle$ può essere ricavata. Dalla Figura 2.3 (d) possiamo notare che il modello semplificato tende a sovrastimare la prevalenza della malattia. Tale sovrastima risulta sconveniente se volessimo usare queste predizioni per intervenire

con delle politiche di contenimento. Nelle sezioni successive ci domanderemo se sia possibile trovare una rappresentazione con un numero minore di variabili che sia più accurato o, meglio ancora, esatta.

2.2.2 Chiusura al livello delle triple

In analogia a quanto fatto nel paragrafo precedente, cercheremo di sfruttare le chiusure per ottenere un modello chiuso (con un numero minore di equazioni rispetto a quello esatto) ottenendo un'approssimazione migliore del modello chiuso alle coppie.

Per fare ciò sfruttiamo l'indipendenza a livello delle triple ovvero usiamo la seguente approssimazione

$$\langle A_i B_j C_k \rangle \approx \frac{\langle A_i B_j \rangle \langle B_j C_k \rangle}{\langle B_j \rangle}.$$

Mostriamo come ciò ci permette di formulare un modello chiuso. Per rimarcare la non esattezza del modello useremo le lettere X, Y al posto di S e I . Nel modello esatto, per i singoli nodi vale:

$$\begin{aligned} \langle \dot{S}_i \rangle &= -\tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle S_i I_j \rangle, \\ \langle \dot{I}_i \rangle &= \tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle S_i I_j \rangle - \gamma \langle I_i \rangle. \end{aligned}$$

Mentre per le coppie

$$\langle \dot{S}_i I_j \rangle = \tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N g_{jk} \langle S_i S_j I_k \rangle - \tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq j}}^N g_{ik} \langle I_k S_i I_j \rangle - \tau g_{ij} \langle S_i I_j \rangle - \gamma \langle S_i I_j \rangle.$$

Dunque usando la chiusura alle triple e osservando che vale

$$\langle \dot{S}_i S_j \rangle = -\tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq j}}^N g_{ik} \langle I_k S_i S_j \rangle - \tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N g_{jk} \langle S_i S_j I_k \rangle,$$

otteniamo il seguente sistema chiuso

$$\begin{aligned}
 \langle \dot{X}_i \rangle &= -\tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle X_i Y_j \rangle, \\
 \langle \dot{Y}_i \rangle &= \tau \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N g_{ij} \langle X_i Y_j \rangle - \gamma \langle I_i \rangle, \\
 \langle \dot{X}_i Y_j \rangle &= \tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N g_{jk} \frac{\langle X_i X_j \rangle \langle X_j Y_k \rangle}{\langle X_j \rangle} - \tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq j}}^N g_{ik} \frac{\langle Y_k X_i \rangle \langle X_i Y_j \rangle}{\langle X_i \rangle} - \tau g_{ij} \langle X_i Y_j \rangle - \gamma \langle X_i Y_j \rangle, \\
 \langle \dot{X}_i X_j \rangle &= -\tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq j}}^N g_{ik} \frac{\langle Y_k X_i \rangle \langle X_i X_j \rangle}{\langle X_i \rangle} - \tau \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N g_{jk} \frac{\langle X_i X_j \rangle \langle X_j Y_k \rangle}{\langle X_j \rangle}.
 \end{aligned} \tag{2.6}$$

Andando a risolvere numericamente i 3 modelli osserviamo, in Figura 2.4, come il modello chiuso alle triple approssima in modo migliore, rispetto a quello chiuso alle coppie, il modello esatto.

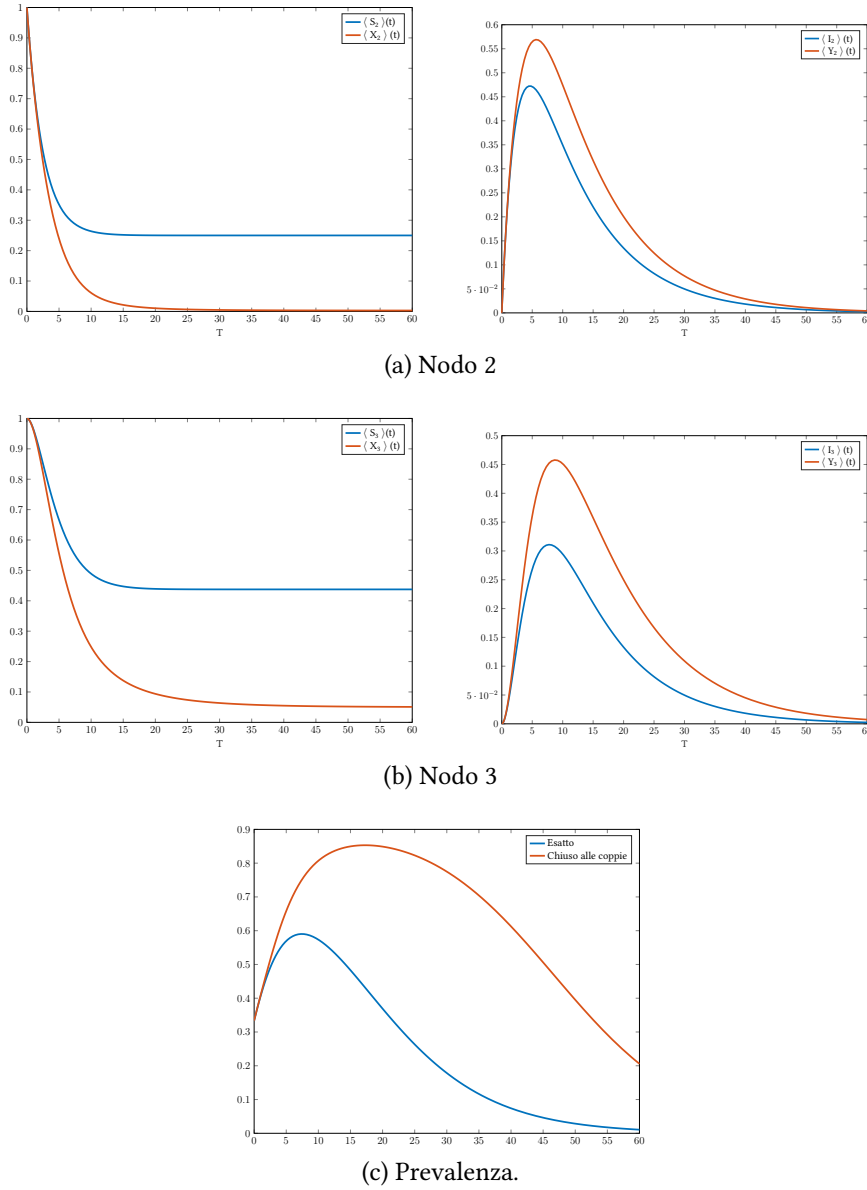
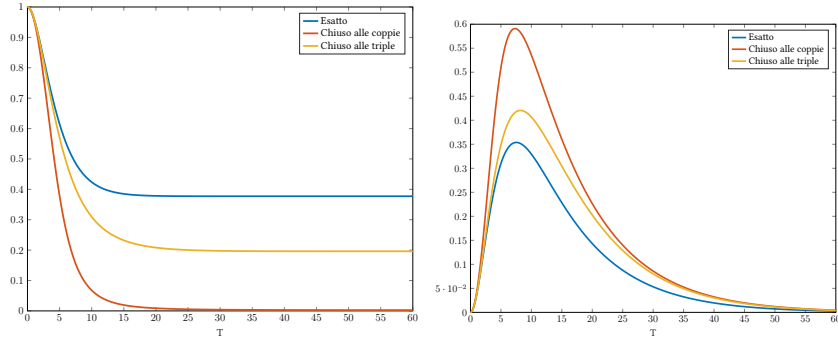
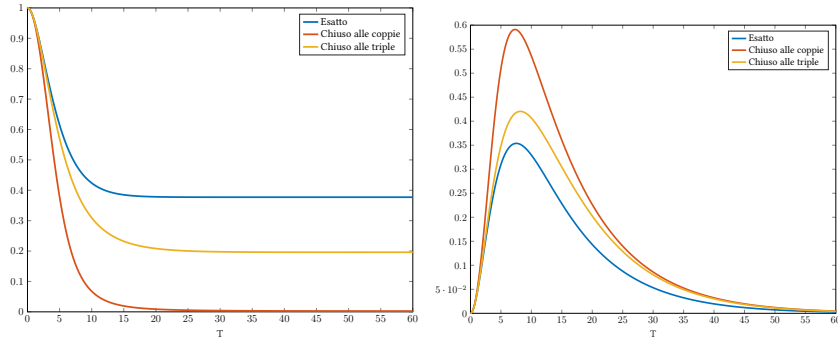


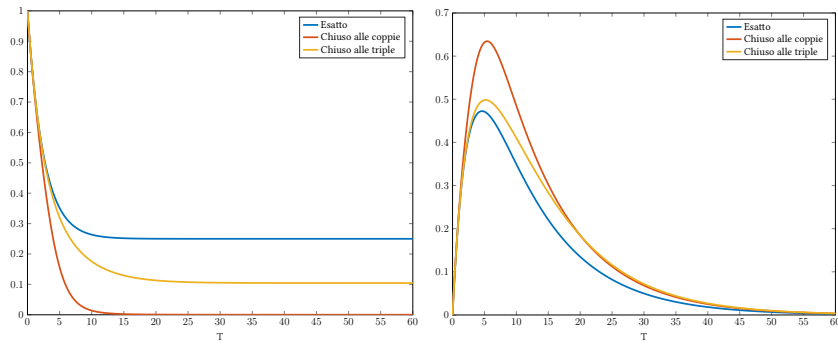
Figura 2.3: Divisione in classi dei singoli nodi (a)(b) e grafico della prevalenza (c). Non abbiamo riportato i grafici relativi al nodo 1 poichè in questo caso il modello esatto e il modello chiuso alle coppie coincidono. Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, il problema di Cauchy derivato dal modello esatto (2.1) (in blu) con quello approssimato ottenuto assumendo la chiusura alle coppie (2.4) (in rosso). Per entrambi i modelli le condizioni iniziali sono stati puri (2.2), inoltre, nel modello esatto abbiamo supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali. Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.



(a) Nodo 1: sani e infetti



(b) Nodo 2: sani e infetti



(c) Nodo 3: sani e infetti

Figura 2.4: Divisione in classi dei singoli nodi per il grafo 2.9.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, il problema di Cauchy derivato dal modello esatto (2.3.1), dal modello chiuso alle coppie (2.4) e da quello alle triple (2.6). Per i 3 modelli le condizioni iniziali sono stati puri (2.9). Abbiamo, inoltre, supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali. Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$. Non abbiamo riportato i grafici relativi al nodo 4 poichè in questo caso i 3 modelli coincidevano (nei limiti della tolleranza della funzione ode45).

2.2.3 Approccio generale alla chiusura

In questa sezione ci domanderemo se sia possibile trovare una rappresentazione con un numero minore di variabili che sia più accurata o, meglio ancora, esatta. Per farlo useremo delle proprietà di connessione del grafico.

Sia $G = (V, E)$ un grafo connesso.

- Diremo che $v \in V$ è un *cut-vertex* (vertice tagliato) se il grafo senza il nodo v risulta sconnesso.
- Diremo che $e \in E$ è un *ponte* se il grafo $G' = (V, E \setminus \{e\})$ risulta sconnesso.

Per un esempio di cut-vertex si guardi la Figura 2.5.

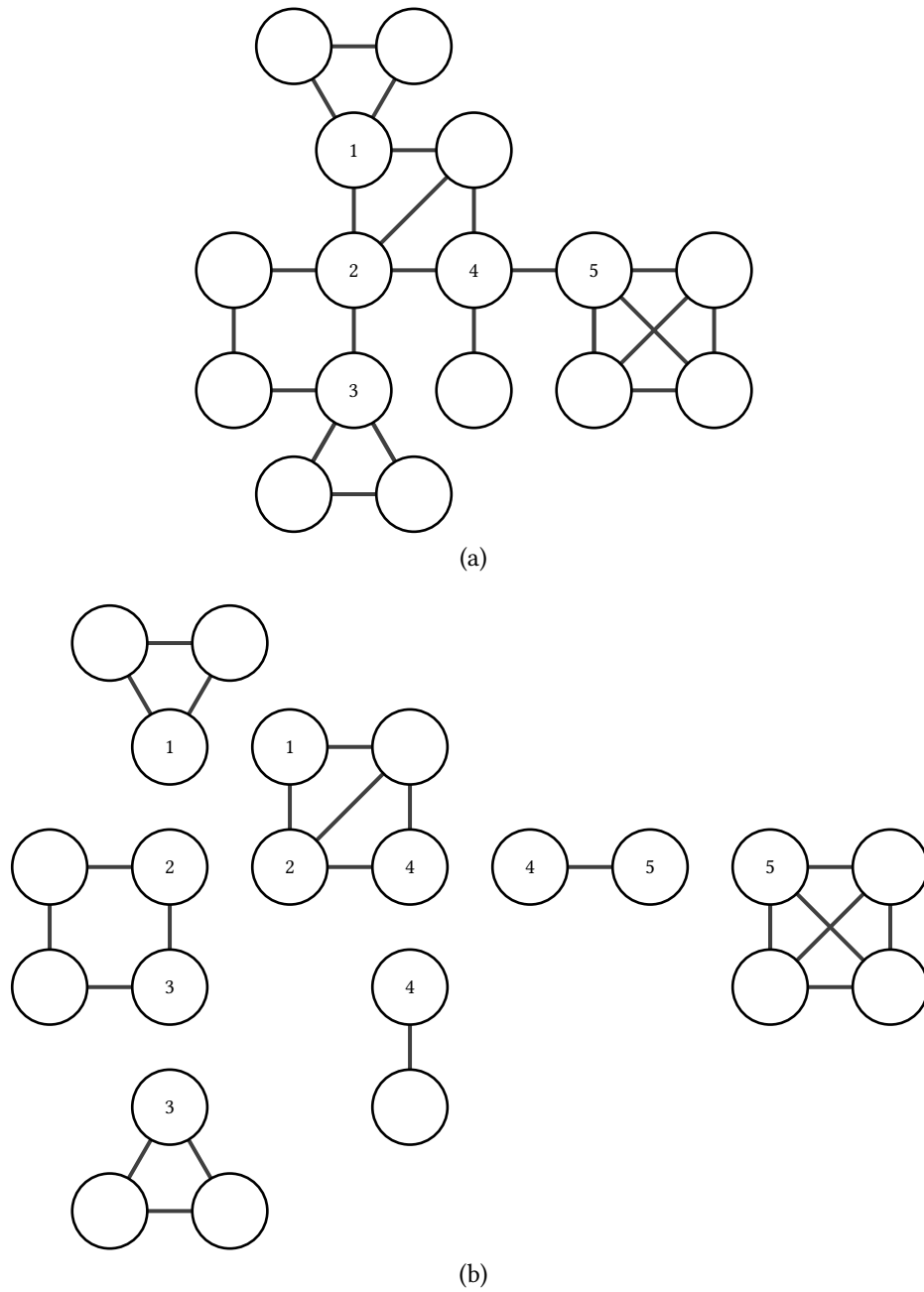


Figura 2.5: (a) Un esempio di rete con 5 cut-vertices e (b) la rete equivalente dopo la decomposizioni in sottoreti.

Prima di presentare il teorema cardine del capitolo ricordiamo però, la seguente definizione.

Siano A, B due eventi di uno spazio di probabilità con $\mathbb{P}(B) > 0$. Si dice *probabilità condizionale* di A dato B la quantità.

$$\mathbb{P}(A|B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)}. \quad (2.7)$$

Teorema 2.2.1. *Sia $G = (V, E)$ un grafo e $F = \{v_1, \dots, v_k\}$ un sottoinsieme connesso di vertici e sia v_i un suo cut-vertex. Poniamo*

$$F_1 = \{v_1, \dots, v_{i-1}\} \text{ e } F_2 = \{v_{i+1}, \dots, v_k\}.$$

Se ogni cammino che connette un nodo in F_1 ad uno in F_2 passa da v_i allora:

$$\langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} \rangle = \langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} \rangle \langle S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} \rangle \quad (2.8)$$

dove $Z \in \{S, I, R\}$.

Dimostrazione. Se $\langle S_{v_i} \rangle = 0$ allora l'uguaglianza (2.8) risulta banalmente vera.

Sia $\langle S_{v_i} \rangle \neq 0$. Utilizzando la definizione di probabilità condizionale (2.7)

$$\langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} \rangle = \langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} | S_{v_i} \rangle \langle S_{v_i} \rangle.$$

Notiamo che

$$\langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} | S_{v_i} \rangle = \langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} | S_{v_i} \rangle \langle S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} | S_{v_i} \rangle,$$

infatti, ogni percorso da F_1 a F_2 deve passare attraverso v_i . Ora v_i è suscettibile dunque la trasmissione non può avvenire tra un nodo in F_1 ed uno in F_2 . Per tale motivo i due eventi presenti nel membro di sinistra sono indipendenti.

Se riappliciamo la definizione di probabilità condizionale otteniamo

$$\begin{aligned} \langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} | S_{v_i} \rangle &= \frac{\langle Z_{v_1} \dots Z_{v_{i-1}} S_{v_i} \rangle}{\langle S_{v_i} \rangle}, \\ \langle S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} | S_{v_i} \rangle &= \frac{\langle S_{v_i} Z_{v_{i+1}} \dots Z_{v_k} \rangle}{\langle S_{v_i} \rangle} \end{aligned}$$

da cui la tesi. □

Grazie a questo teorema siamo pronti per presentare l'algoritmo generale per le chiusure. Ecco i passi dell'algoritmo.

1. Si trovano tutti i cut-vertices di G e si denotino con $C = \{v_{i_1}, \dots, v_{i_L}\}$. Tale procedimento può essere fatto con un costo in tempo di $O(|E| + |V|)$ utilizzando una visita DFS.

2. Si divide la rete originale in sottoreti connesse a due a due scollegate.
3. Tale procedura conduce ad una famiglia di sottoreti distinte G_1, \dots, G_P . Le sottoreti vengono create in modo che i cut-vertices siano mantenuti in tutte le sottoreti generate. Si veda la Figura 2.5.
4. Per ogni nodo i delle sottoreti, si ha

$$\begin{aligned}\langle \dot{S}_i \rangle &= -\tau \sum_j g_{ij} \langle S_i I_j \rangle, \\ \langle \dot{I}_i \rangle &= \tau \sum_j g_{ij} \langle S_i I_j \rangle - \gamma \langle I_i \rangle, \\ \langle \dot{R}_i \rangle &= 1 - \langle S_i \rangle - \langle I_i \rangle.\end{aligned}$$

Si possono trovare equazioni simili per le derivate di tutte le coppie che sorgono in queste equazioni. Queste coppie dipendono dalle triple. A loro volta le triple dipendono dalle quadruple. Si forma, così, una gerarchia di equazioni.

5. Nella gerarchia che si verrà a creare, se appare un termine composto da vertici di sottoreti diverse allora in esso è presente un cut-vertex suscettibile. Usando il Teorema (2.2.1) è possibile esprimere questo termine usando termini più semplici.

Concludiamo l'esempio, che abbiamo iniziato a inizio capitolo, applicando l'algoritmo appena presentato alla rete in Figura 2.1.

Come visto nel modello completo, per i singoli nodi si ha

$$\begin{aligned}\langle \dot{S}_1 \rangle &= -\tau \langle S_1 I_2 \rangle, & \langle \dot{I}_1 \rangle &= \tau \langle S_1 I_2 \rangle - \gamma \langle I_1 \rangle, \\ \langle \dot{S}_2 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle I_3 S_2 \rangle), & \langle \dot{I}_2 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle I_3 S_2 \rangle) - \gamma \langle I_2 \rangle, \\ \langle \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \langle I_2 S_3 \rangle, & \langle \dot{I}_3 \rangle &= \tau \langle I_2 S_3 \rangle - \gamma \langle I_3 \rangle.\end{aligned}$$

Nelle precedenti equazioni appaiono delle coppie: scriviamo le equazioni anche per loro.

$$\langle \dot{S}_1 I_2 \rangle = \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 \rangle = \frac{\langle S_1 S_2 \rangle \langle S_2 I_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle} - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 \rangle$$

infatti dal Teorema 2.2.1 applicato al cut-vertex 2 si ha

$$\langle S_1 S_2 I_3 \rangle = \frac{\langle S_1 S_2 \rangle \langle S_2 I_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle}.$$

In maniera analoga otteniamo

$$\begin{aligned}\langle \dot{I}_1 S_2 \rangle &= -\tau \frac{\langle I_1 S_2 \rangle \langle S_2 I_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle} - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle, \\ \langle \dot{S}_2 I_3 \rangle &= -\tau \frac{\langle I_1 S_2 \rangle \langle S_2 I_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle} - (\tau + \gamma) \langle S_2 I_3 \rangle, \\ \langle \dot{I}_2 S_3 \rangle &= \tau \frac{\langle I_1 S_2 \rangle \langle S_2 S_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle} - (\tau + \gamma) \langle I_2 S_3 \rangle.\end{aligned}$$

Le precedenti equazioni introducono altre due coppie. Aggiungendole otteniamo un modello chiuso:

$$\begin{aligned}\langle \dot{S}_1 S_2 \rangle &= -\tau \frac{\langle S_1 S_2 \rangle \langle S_2 I_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle}, \\ \langle \dot{S}_2 S_3 \rangle &= -\tau \frac{\langle I_1 S_2 \rangle \langle S_2 S_3 \rangle}{\langle S_2 \rangle}.\end{aligned}$$

In questo esempio, non abbiamo ottenuto un notevole vantaggio, infatti abbiamo un sistema di 12 equazioni mentre il modello esatto (2.1) 13 equazioni. Nell'esempio, che vedremo successivamente, potremmo apprezzare meglio il risparmio computazionale.

Andando a risolvere numericamente il sistema e tracciando le soluzioni otteniamo la Figura 2.6. Possiamo notare, come previsto dalla teoria, che tali grafici

sono identici a quelli ottenuti nel modello esteso 2.2. Inoltre, se andiamo a calcolare l'errore assoluto tra le soluzioni (Figura 2.7) otteniamo che tali errori sono dell'ordine della tolleranza dell'integratore cosa che non accade confrontando il modello esatto con quello chiuso alle coppie (Figura 2.8).

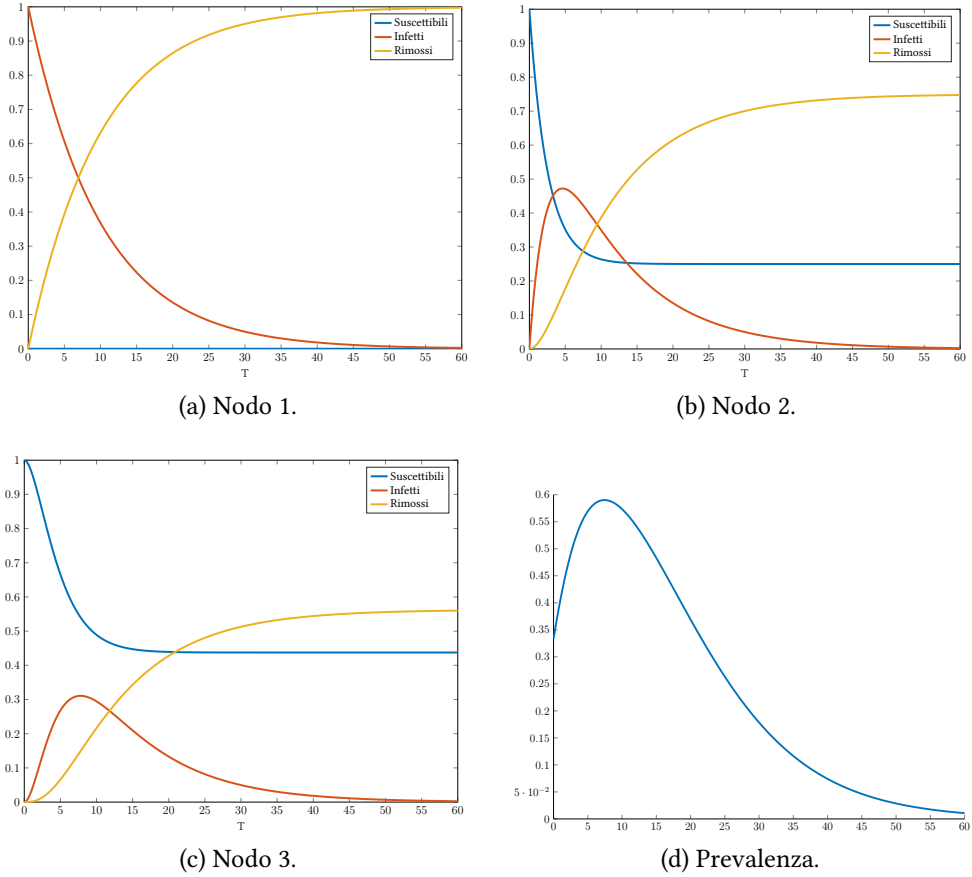
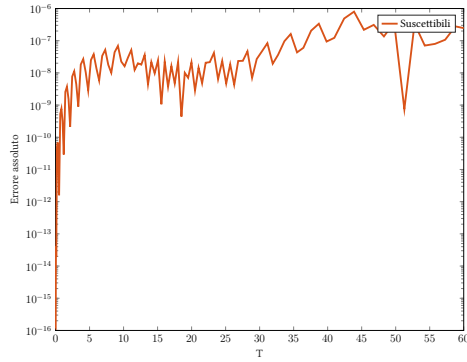
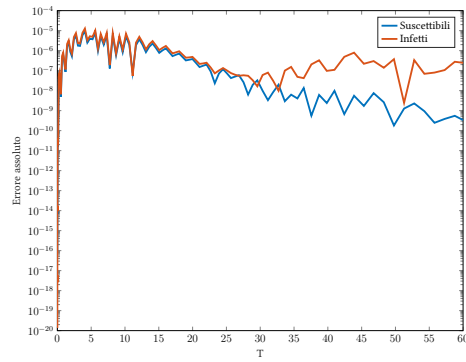


Figura 2.6: Divisione in classi nei singoli nodi (a)(b)(c) e grafico della prevalenza (d) per il grafo 2.1. Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, il problema di Cauchy ottenuto usando il Teorema 2.2.1 con condizioni iniziali di stati puri (2.2). Abbiamo inoltre supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali.

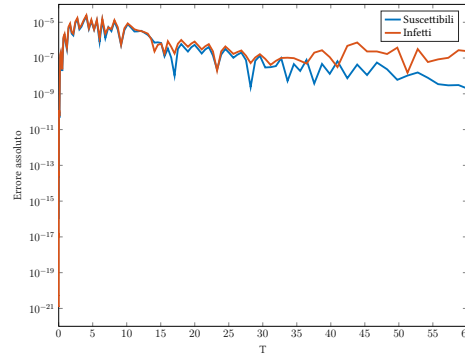
Per la sperimentazioni abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.



(a) Nodo 1.



(b) Nodo 2.

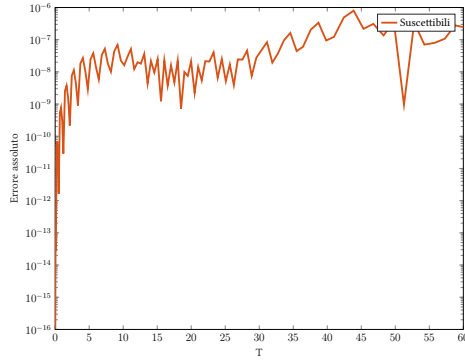


(c) Nodo 3.

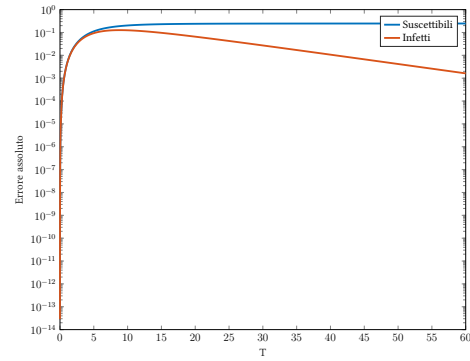
Figura 2.7: Errore assoluto (in scala logaritmica) tra la soluzione del problema di Cauchy (2.1) e quello ottenuto utilizzando il Teorema 2.2.1.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, con una tolleranza di $1e-9$ i due problemi di Cauchy con condizioni iniziali di stati puri (2.2). Abbiamo inoltre supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali.

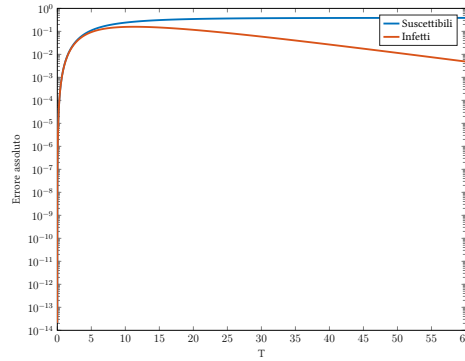
Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.



(a) Nodo 1.



(b) Nodo 2.



(c) Nodo 3.

Figura 2.8: Errore assoluto (in scala logaritmica) tra la soluzione del problema di Cauchy (2.1) e quello utilizzando la chiusura alle coppie.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, con una tolleranza di $1e-9$ i due problemi di Cauchy con condizioni iniziali di stati puri (2.2). Abbiamo inoltre supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali.

Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.

2.3 — Un esempio completo

In questa sezione andremo a ricavare le equazioni per la rete in Figura 2.9 sia usando il modello esteso che attraverso l'uso dei cut-vertex.

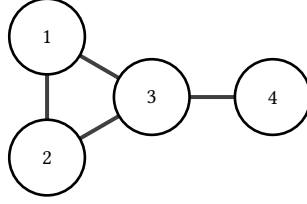


Figura 2.9: Il network lollipop.

2.3.1 Modello esteso

Le equazioni per i singoli nodi sono:

$$\begin{aligned}
 \langle \dot{S}_1 \rangle &= -\tau (\langle S_1 I_3 \rangle + \langle S_1 I_2 \rangle), & \langle \dot{S}_3 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_3 \rangle + \langle I_2 S_3 \rangle + \langle S_3 I_4 \rangle), \\
 \langle \dot{I}_1 \rangle &= \tau (\langle S_1 I_2 \rangle + \langle S_1 I_3 \rangle) - \gamma \langle I_1 \rangle, & \langle \dot{I}_3 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_3 \rangle + \langle I_2 S_3 \rangle + \langle S_3 I_4 \rangle) - \gamma \langle I_3 \rangle, \\
 \langle \dot{S}_2 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle S_2 I_3 \rangle), & \langle \dot{S}_4 \rangle &= -\tau \langle I_3 S_4 \rangle, \\
 \langle \dot{I}_2 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle S_2 I_3 \rangle) - \gamma \langle I_2 \rangle, & \langle \dot{I}_4 \rangle &= \tau \langle I_3 S_4 \rangle - \gamma \langle I_4 \rangle.
 \end{aligned}$$

Tali equazioni dipendono da alcune coppie: tutte le disposizioni di archi con un nodo suscettibile ed un uno infetto. Abbiamo bisogno di equazioni aggiuntive:

$$\begin{aligned}
 \langle \dot{S}_1 I_2 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 \rangle - \tau \langle S_1 I_2 I_3 \rangle, \\
 \langle \dot{S}_1 I_3 \rangle &= \tau (\langle S_1 I_2 S_3 \rangle + \langle S_1 S_3 I_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_3 \rangle - \tau \langle S_1 I_2 I_3 \rangle, \\
 \langle \dot{I}_1 S_2 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle - \tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle, \\
 \langle \dot{S}_2 I_3 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_2 S_3 \rangle + \langle S_2 S_3 I_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle S_2 I_3 \rangle - \tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle, \\
 \langle \dot{I}_1 S_3 \rangle &= -\tau (\langle I_1 I_2 S_3 \rangle + \langle I_1 S_3 I_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_3 \rangle + \tau \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
 \langle \dot{I}_2 S_3 \rangle &= -\tau (\langle I_1 I_2 S_3 \rangle + \langle I_2 S_3 I_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle I_2 S_3 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 \rangle, \\
 \langle \dot{S}_3 I_4 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_3 I_4 \rangle + \langle I_2 S_3 I_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle S_3 I_4 \rangle, \\
 \langle \dot{I}_3 S_4 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_3 S_4 \rangle + \langle I_2 S_3 S_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle I_3 S_4 \rangle.
 \end{aligned}$$

A questo punto, però necessitiamo anche delle triple:

$$\begin{aligned}
\langle S_1 \dot{S}_2 I_3 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 S_3 I_4 \rangle - (2\tau + \gamma) \langle S_1 S_2 I_3 \rangle, \\
\langle S_1 \dot{I}_2 I_3 \rangle &= \tau (\langle S_1 S_2 I_3 \rangle + \langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle) - 2(\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 I_3 \rangle + \tau \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
\langle S_1 \dot{I}_2 S_3 \rangle &= -\tau \langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle - (2\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
\langle I_1 \dot{S}_2 I_3 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - 2(\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 I_3 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle, \\
\langle I_1 \dot{S}_2 S_3 \rangle &= -\tau \langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle - (2\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 S_3 \rangle, \\
\langle I_1 \dot{I}_2 S_3 \rangle &= \tau (\langle S_1 I_2 S_3 \rangle + \langle I_1 S_2 S_3 \rangle - \langle I_1 I_2 S_3 I_4 \rangle) - 2(\tau + \gamma) \langle I_1 I_2 S_3 \rangle.
\end{aligned}$$

Mancano:

$$\begin{aligned}
\langle I_1 S_3 I_4 \rangle &= -2(\tau + \gamma) \langle I_1 S_3 I_4 \rangle + \tau \langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle - \tau \langle I_1 I_2 S_3 I_4 \rangle, \\
\langle I_1 S_3 S_4 \rangle &= -(\tau + \gamma) \langle I_1 S_3 S_4 \rangle + \tau \langle S_1 I_2 S_3 S_4 \rangle - \tau \langle I_1 I_2 S_3 S_4 \rangle, \\
\langle S_2 S_3 I_4 \rangle &= -(\tau + \gamma) \langle S_2 S_3 I_4 \rangle - 2\tau \langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle, \\
\langle I_2 S_3 I_4 \rangle &= -2(\tau + \gamma) \langle I_2 S_3 I_4 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle - \tau \langle I_1 I_2 S_3 I_4 \rangle, \\
\langle I_2 S_3 S_4 \rangle &= -(\tau + \gamma) \langle I_2 S_3 S_4 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 S_4 \rangle - \tau \langle I_1 I_2 S_3 S_4 \rangle, \\
\langle S_1 S_3 I_4 \rangle &= -2\tau \langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_1 S_3 I_4 \rangle,
\end{aligned}$$

e le quadruple:

$$\begin{aligned}
\langle I_1 I_2 S_3 I_4 \rangle &= -3(\tau + \gamma) \langle I_1 I_2 S_3 I_4 \rangle + \tau (\langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle + \langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle), \\
\langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle &= -(3\tau + 2\gamma) \langle S_1 I_2 S_3 I_4 \rangle, \\
\langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle &= -(3\tau + 2\gamma) \langle I_1 S_2 S_3 I_4 \rangle, \\
\langle I_1 I_2 S_3 S_4 \rangle &= \tau (\langle S_1 I_2 S_3 S_4 \rangle + \langle I_1 S_2 S_3 S_4 \rangle) - 2(\tau + \gamma) \langle I_1 I_2 S_3 S_4 \rangle, \\
\langle I_1 S_2 S_3 S_4 \rangle &= -(2\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 S_3 S_4 \rangle, \\
\langle S_1 I_2 S_3 S_4 \rangle &= -(2\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 S_3 S_4 \rangle, \\
\langle S_1 S_2 S_3 I_4 \rangle &= -(\tau + \gamma) \langle S_1 S_2 S_3 I_4 \rangle.
\end{aligned}$$

Abbiamo così ottenuto un sistema chiuso di 35 equazioni.

2.3.2 Modello chiuso

Vediamo come possiamo sfruttare il Teorema 2.2.1 per ridurre il numero di equazioni.

La rete lollipop possiede un solo cut-vertex: il vertice 3. Decomponiamo il grafo in un triangolo ed in un singolo arco (Figura 2.10).

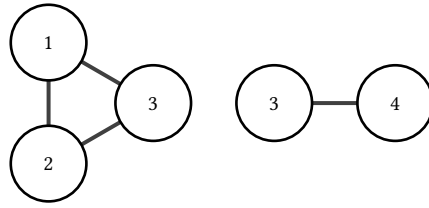


Figura 2.10: Decomposizione della rete lollipop.

Per i nodi otteniamo le stesse equazioni viste in precedenza:

$$\begin{aligned}
 \langle \dot{S}_1 \rangle &= -\tau (\langle S_1 I_3 \rangle + \langle S_1 I_2 \rangle), & \langle \dot{S}_3 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_3 \rangle + \langle I_2 S_3 \rangle + \langle S_3 I_4 \rangle), \\
 \langle \dot{I}_1 \rangle &= \tau (\langle S_1 I_2 \rangle + \langle S_1 I_3 \rangle) - \gamma \langle I_1 \rangle, & \langle \dot{I}_3 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_3 \rangle + \langle I_2 S_3 \rangle + \langle S_3 I_4 \rangle) - \gamma \langle I_3 \rangle, \\
 \langle \dot{S}_2 \rangle &= -\tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle S_2 I_3 \rangle), & \langle \dot{S}_4 \rangle &= -\tau \langle I_3 S_4 \rangle, \\
 \langle \dot{I}_2 \rangle &= \tau (\langle I_1 S_2 \rangle + \langle S_2 I_3 \rangle) - \gamma \langle I_2 \rangle, & \langle \dot{I}_4 \rangle &= \tau \langle I_3 S_4 \rangle - \gamma \langle I_4 \rangle.
 \end{aligned}$$

Andiamo a ricavarci le equazioni per le coppie.

Esaminiamo l'equazione per $\langle S_1 I_3 \rangle$.

$$\begin{aligned}
 \langle \dot{S}_1 I_3 \rangle &= \tau (\langle S_1 I_2 S_3 \rangle + \langle S_1 S_3 I_4 \rangle) - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_3 \rangle - \tau \langle S_1 I_2 I_3 \rangle = \\
 &= \tau \left(\langle S_1 I_2 S_3 \rangle + \frac{\langle S_1 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_3 \rangle - \tau \langle S_1 I_2 S_3 \rangle
 \end{aligned}$$

dove abbiamo usato il Teorema 2.2.1 per sostituire $\langle S_1 S_3 I_4 \rangle$.

Con considerazioni analoghe otteniamo

$$\begin{aligned}
\langle \dot{S}_1 I_2 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 \rangle - \tau \langle S_1 I_2 I_3 \rangle, \\
\langle \dot{I}_1 \dot{S}_2 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 \rangle - \tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle, \\
\langle \dot{S}_2 I_3 \rangle &= \tau \left(\langle I_1 S_2 S_3 \rangle + \frac{\langle S_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - (\tau + \gamma) \langle S_2 I_3 \rangle - \tau \langle I_1 S_2 I_3 \rangle, \\
\langle \dot{I}_1 \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \left(\langle I_1 I_2 S_3 \rangle + \frac{\langle I_1 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - (\tau + \gamma) \langle I_1 S_3 \rangle + \tau \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{I}_2 \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \left(\langle I_1 I_2 S_3 \rangle + \frac{\langle I_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - (\tau + \gamma) \langle I_2 S_3 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{S}_3 I_4 \rangle &= -\tau \left(\frac{\langle I_1 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} + \frac{\langle I_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - (\tau + \gamma) \langle S_3 I_4 \rangle, \\
\langle \dot{I}_3 \dot{S}_4 \rangle &= \tau \left(\frac{\langle I_1 S_3 \rangle \langle S_3 S_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} + \frac{\langle I_2 S_3 \rangle \langle S_3 S_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - (\tau + \gamma) \langle I_3 S_4 \rangle.
\end{aligned}$$

Da queste equazioni emergono nuove coppie, dunque necessitiamo anche di

$$\begin{aligned}
\langle \dot{S}_1 \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \frac{\langle S_1 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} - 2\tau \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{S}_2 \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \frac{\langle S_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} - 2\tau \langle I_1 S_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{S}_3 \dot{S}_4 \rangle &= -\tau \frac{\langle I_1 S_3 \rangle \langle S_3 S_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} - \tau \frac{\langle I_2 S_3 \rangle \langle S_3 S_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle}.
\end{aligned}$$

Le equazioni per le coppie introducono alcune triple. Aggiungiamole.

$$\begin{aligned}
\langle \dot{S}_1 \dot{S}_2 I_3 \rangle &= \tau \frac{\langle S_1 S_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} - (2\tau + \gamma) \langle S_1 S_2 I_3 \rangle, \\
\langle \dot{S}_1 \dot{I}_2 I_3 \rangle &= \tau \left(\langle S_1 S_2 I_3 \rangle + \frac{\langle S_1 I_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - 2(\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 I_3 \rangle + \tau \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{S}_1 \dot{I}_2 \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \frac{\langle S_1 I_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} - (2\tau + \gamma) \langle S_1 I_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{I}_1 \dot{S}_2 I_3 \rangle &= \tau \langle S_1 S_2 I_3 \rangle - 2(\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 I_3 \rangle + \tau \langle I_1 S_2 S_3 \rangle + \tau \frac{\langle I_1 S_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle}, \\
\langle \dot{I}_1 \dot{S}_2 \dot{S}_3 \rangle &= -\tau \frac{\langle I_1 S_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} - (2\tau + \gamma) \langle I_1 S_2 S_3 \rangle, \\
\langle \dot{I}_1 \dot{I}_2 \dot{S}_3 \rangle &= \tau \left(\langle S_1 I_2 S_3 \rangle + \langle I_1 S_2 S_3 \rangle - \frac{\langle I_1 I_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle} \right) - 2(\tau + \gamma) \langle I_1 I_2 S_3 \rangle.
\end{aligned}$$

Scrivendo queste equazioni appare una nuova tripla. Completiamo il sistema aggiungendo l'equazione mancante:

$$\langle S_1 \dot{S}_2 S_3 \rangle = -\tau \frac{\langle S_1 S_2 S_3 \rangle \langle S_3 I_4 \rangle}{\langle S_3 \rangle}.$$

Siamo riusciti a ridurre il numero di equazioni da 35 a 27.

Andiamo a risolvere numericamente i due sistemi con condizioni iniziali a partire da uno stato puro (4 certamente infetto e 1, 2, 3 certamente sani):

$$\begin{aligned} \langle S_1 \rangle(0) &= 1, \\ \langle I_1 \rangle(0) &= 0, \\ \langle S_2 \rangle(0) &= 1, \\ \langle I_2 \rangle(0) &= 0, \\ \langle S_3 \rangle(0) &= 1, \\ \langle I_3 \rangle(0) &= 0, \\ \langle S_4 \rangle(0) &= 0, \\ \langle I_4 \rangle(0) &= 1. \end{aligned} \tag{2.9}$$

Nella Figura 2.11 sono riportati i grafici dello stato dei nodi in funzione del tempo sia per il modello esteso che per quello chiuso. Come ci aspettavamo dalla teoria i grafici ottenuti dai due modelli coincidono su ogni nodo.

Per marcare ciò abbiamo calcolato gli errori assoluti tra le due soluzioni (Figura 2.12) ottenendo che tali errori sono dell'ordine della tolleranza dell'integratore. Facendo la medesima cosa tra il modello esatto e quello chiuso alle coppie otteniamo che gli errori sono molto maggiori (Figura 2.13).

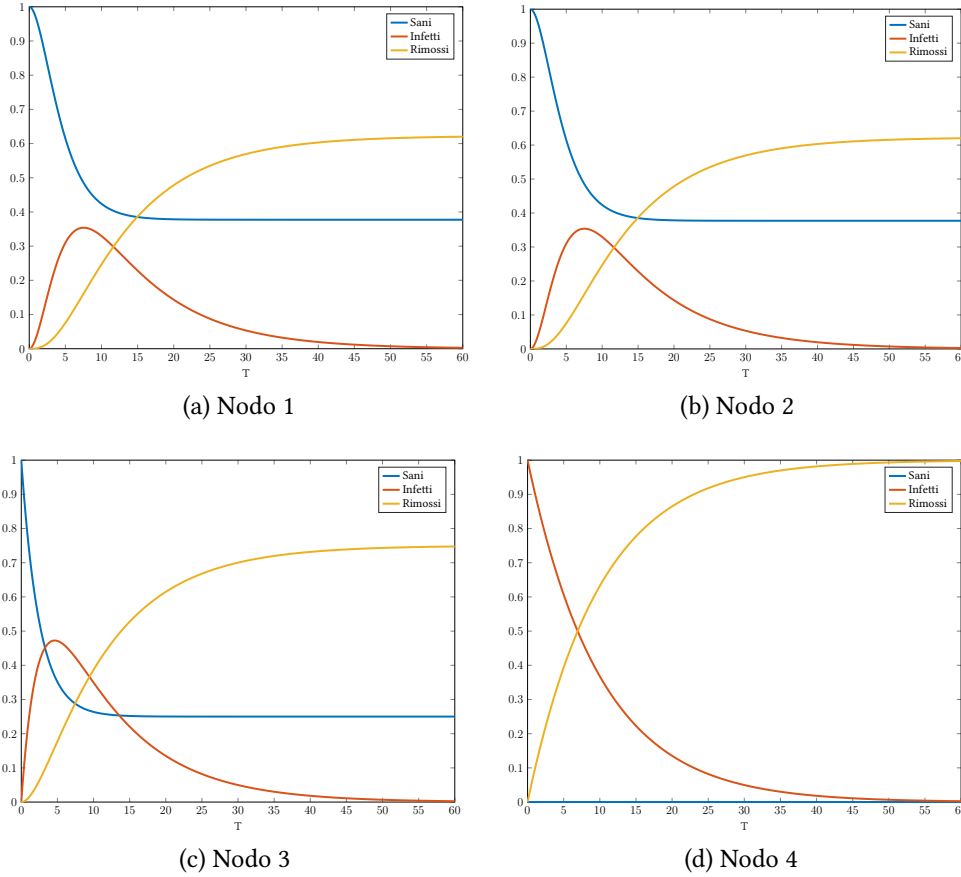


Figura 2.11: Divisione in classe dei singoli nodi per il grafo 2.9.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, i due problemi di Cauchy con condizioni iniziali di stati puri (2.9). Abbiamo inoltre supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali.

Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.

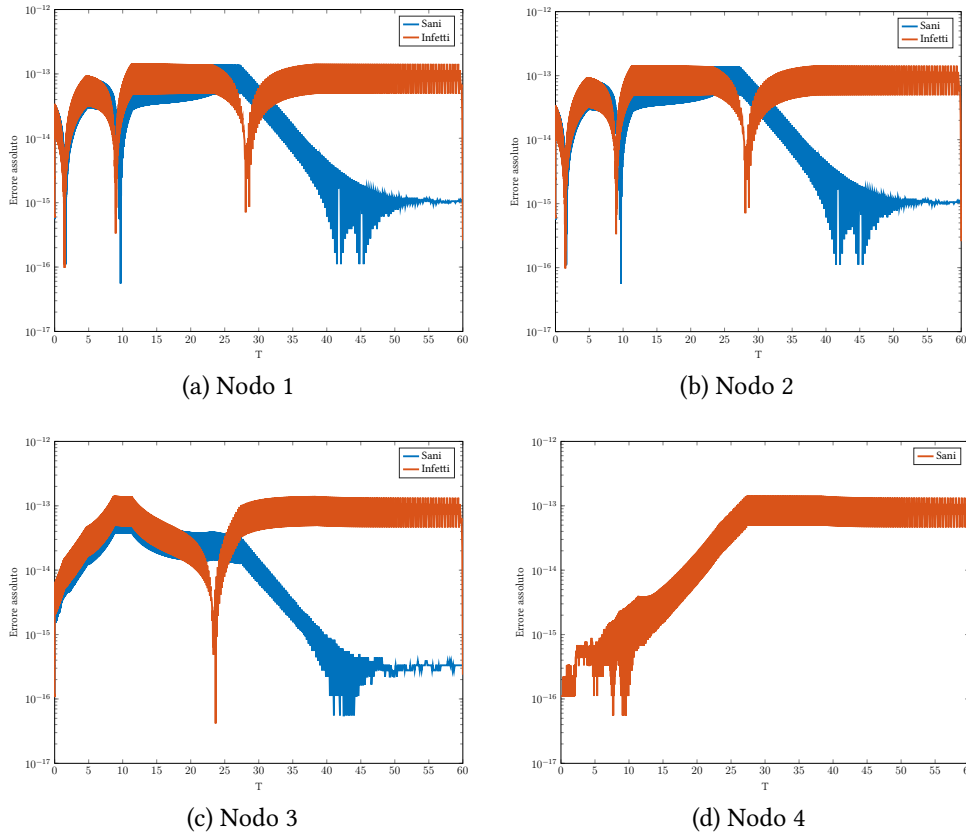


Figura 2.12: Errore assoluto (in scala logaritmica) tra la soluzione del problema esteso e quello chiuso.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, con una tolleranza di $1e - 9$ i due problemi di Cauchy con conduzioni iniziali di stati puri (2.9). Abbiamo inoltre supposto l'indipendenza statica delle condizioni iniziali.

Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.

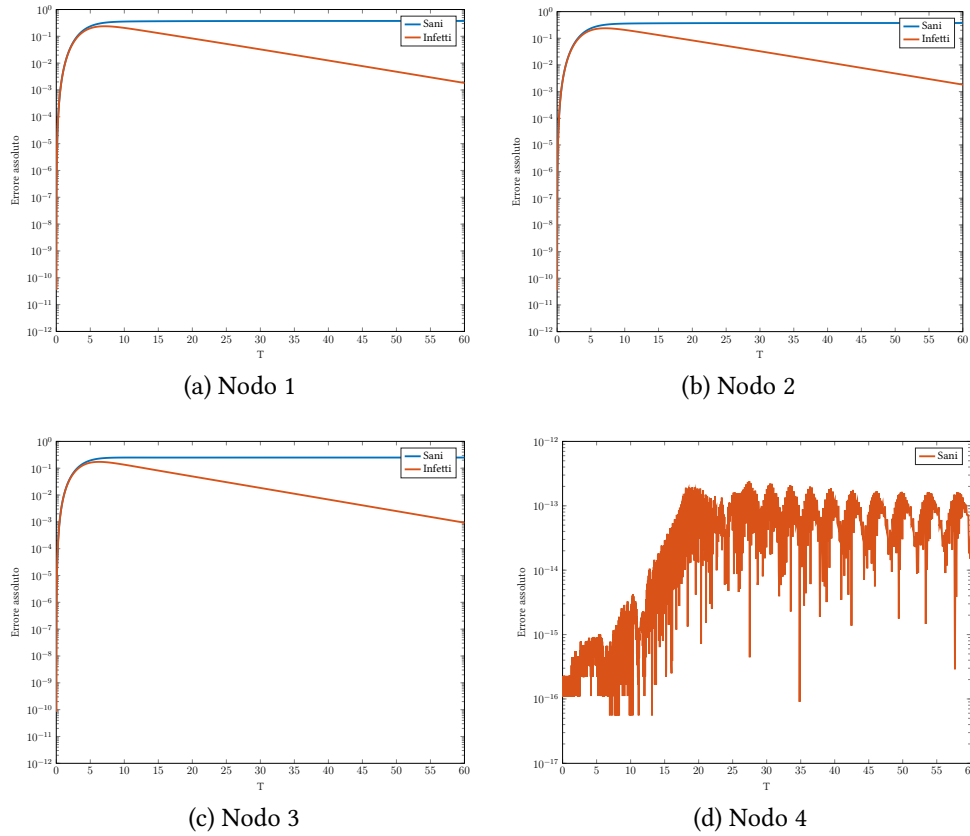


Figura 2.13: Errore assoluto (in scala logaritmica) tra la soluzione del problema esteso e quello chiuso alle coppie.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, con una tolleranza di $1e-9$ i due problemi di Cauchy con condizioni iniziali di stati puri (2.9). Abbiamo inoltre supposto l'indipendenza statica di tali condizioni iniziali.

Per la sperimentazione abbiamo usato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.

3 — Esempi su reti reali

3.1 — Minnesota

In questa sezione, andremo a simulare un'epidemia su una rete reale: la rete stradale del Minnesota in Figura 3.1.

Per prima cosa abbiamo indagato come i tassi d'infezione e di recupero modificano la stiffness (vedi ??) del modello chiuso alle coppie e alle triple.

Per indagare ciò abbiamo fatto variare i parametri di τ e γ e abbiamo confrontato il numero d'iterazione delle funzioni ode45 e ode15s (Figura 3.2). Per tutti i parametri la funzione ode15s impiega molte meno iterazioni, dunque il modello è stiff. Un'altra conferma di ciò ci viene data anche calcolando il rapporto di stiff (Figura 3.3).

Abbiamo inoltre indagato su come variasse la prevalenza cambiando le condizioni iniziali. In Figura 3.4 si osserva come, aumentando il grado del nodo in cui “inizia” l'epidemia, si velocizza il tempo per arrivare al picco. Inoltre notiamo che il picco rimane pressappoco uguale sia che si scelga un nodo di grado 1 che uno di grado 5.

In Figura 3.4 si può osservare come un'immunizzazione (ottenuta ad esempio grazie ai vaccini) riduca il numero di infetti.

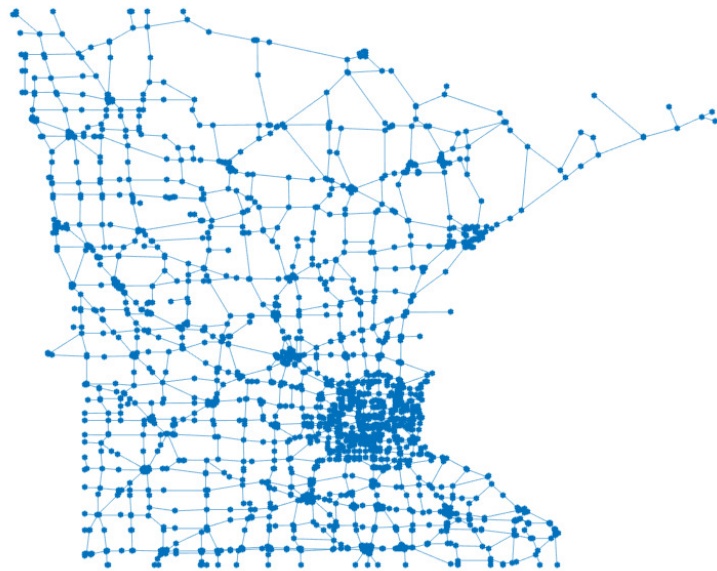


Figura 3.1: Grafico della rete stradale del Minnesota.

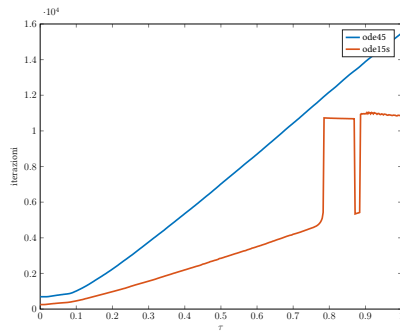
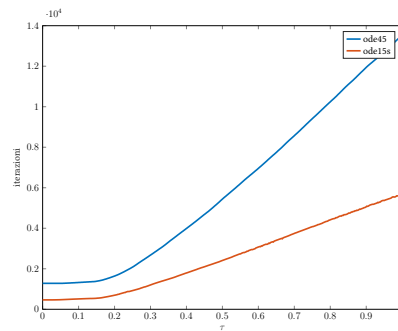
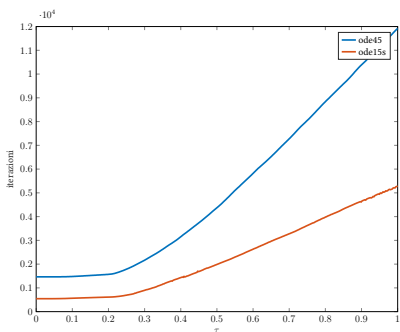
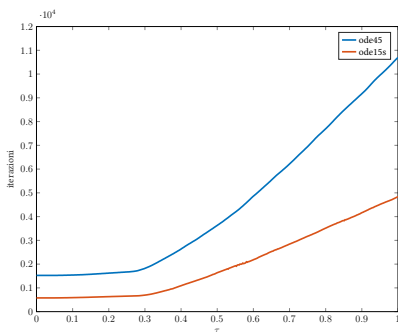
(a) $\gamma = 0.10$ (b) $\gamma = 0.30$ (c) $\gamma = 0.50$ (d) $\gamma = 0.70$

Figura 3.2: Numero d'iterazione di ode45 e ode15 sulla rete stradale del Minnesota al variare dei parametri.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando gli integratori ode45 e ode15s, il problema chiuso alle coppie con condizioni iniziali di stati puri (1 sicuramente infetto, gli altri nodi sicuramente sani) per la rete 3.1.

Per la sperimentazioni abbiamo usato timespan $[0 \ 30]$.

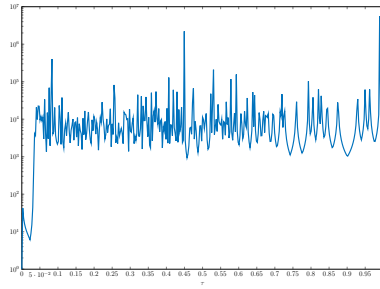
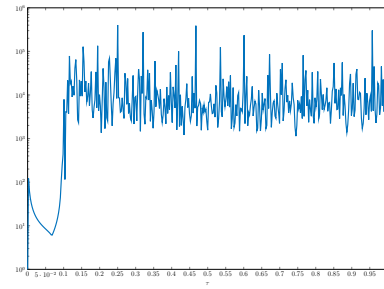
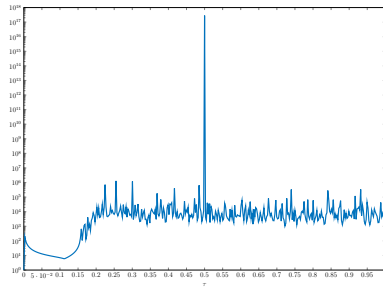
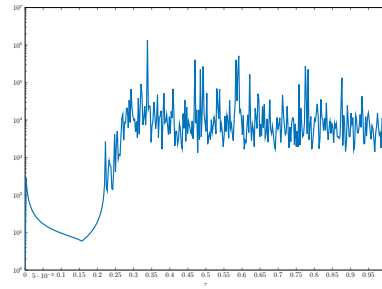
(a) $\gamma = 0.10$ (b) $\gamma = 0.30$ (c) $\gamma = 0.50$ (d) $\gamma = 0.70$

Figura 3.3: Stiff ratio calcolato alle condizioni iniziali: stati puri (1 sicuramente infetto, gli altri nodi sicuramente sani) al variare dei parametri τ e γ .

Per ottenere i grafici abbiamo calcolato il rapporto tra l'autovalore di modulo massimo e quello minimo del jacobiano, calcolato alle condizioni iniziali, del modello chiuso alle coppie.

Per la sperimentazioni abbiamo calcolato numericamente gli autovalori del Jacobiano usando il comando eig di MATLAB.

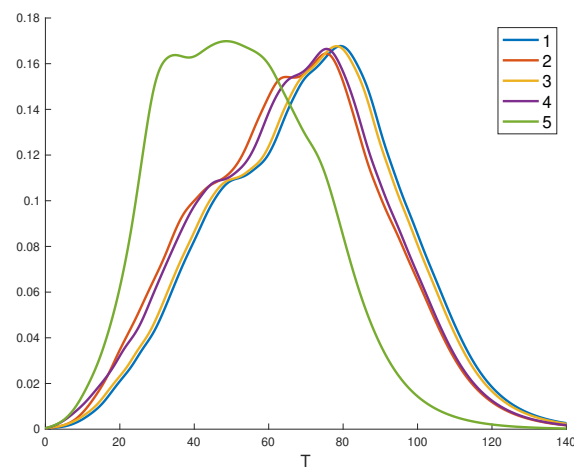


Figura 3.4: Grafico della prevalenza al variare del grado del nodo inizialmente infetto.

Per ottenere i grafici abbiamo risolto numericamente, usando MATLAB, cinque problema di Cauchy ottenuti dal modello chiuso alle coppie.

Per le condizioni iniziali abbiamo preso ogni volta un nodo certamente infetto (con grado diverso e tutti gli altri nodi certamente sani).

Per la sperimentazione abbiamo utilizzato come parametri $\tau = 0.3$ e $\gamma = 0.1$.

Conclusioni

Concludiamo questa tesi sottolineando alcune limitazioni presenti nel modello SIR presentato.

La suddivisione delle popolazione in tre compartimenti non garantisce una grande generalità. Ad esempio, utilizzando questo modello non possiamo considerare il tempo di incubazione ovvero il periodo di tempo tra l'infezione e il momento in cui un individuo diventa infettivo (trasmette la malattia). Per ovviare a questo problema si può considerare una generalizzazione del modello SIR: il modello SEIR dove abbiamo aggiunto la classe E degli "esposti" ovvero degli infetti che non sono infettivi. Le equazione (1.1) diventano dunque

$$\begin{aligned}S' &= -\beta SI \\E' &= \beta SI - \eta E \\I' &= aE - \alpha I \\R' &= \alpha I\end{aligned}$$

dove il periodo medio d'incubazione è η^{-1} .

In analogia a quanto fatto nel secondo capitolo, potremmo estendere il modello SEIR ad una rete.

Un altro aspetto limitante del modello SIR è che esso non tiene conto delle politiche di contenimento: il numero medio di contatti efficaci (contatti che provocano l'infezione) non può e non deve essere costante. Pensiamo, ad esempio, alle varie misure adottate per contrastare la diffusione di COVID-19 finalizzate a ridurre questo numero: lockdown, distanziamento sociale, uso delle mascherine, ...

Abbiamo visto il legame tra parametri e stiffness per la rete del Minnesota, sarebbe interessante investigare come varia questo legame per vari tipi di network sia reali che randomici: small-world, scale-free

Bibliografia

- [1] Suzanne Austin Alchon. *A pest in the land: new world epidemics in a global perspective*. UNM Press, 2003.
- [2] Daniel Bernoulli and Sally Blower. An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it. *Reviews in medical virology*, 14(5):275, 2004.
- [3] Matthew James Keeling. *The ecology and evolution of spatial host-parasite systems*. PhD thesis, University of Warwick, 1995.
- [4] William Ogilvy Kermack, A. G. McKendrick, and Gilbert Thomas Walker. 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, 1927.
- [5] Istvan Z. Kiss, Charles G. Morris, Fanni Sélley, Péter L. Simon, and Robert R. Wilkinson. Exact deterministic representation of Markovian *SIR* epidemics on networks with and without loops. *J. Math. Biol.*, 70(3):437–464, 2015.
- [6] World Health Organization et al. *Expert Committee on Health Statistics [meeting held in Geneva from 29 September to 4 October 1958]: Sixth report*. World Health Organization, 1959.
- [7] Stanley A. Plotkin, Edward A. Mortimer, and Walter A. Orenstein. *Vaccines*. W.B. Saunders, Philadelphia, 1999.
- [8] GF Raggett. A stochastic model of the Eyam plague. *Journal of Applied Statistics*, 9(2):212–225, 1982.
- [9] K. J. Sharkey, I. Z. Kiss, R. R. Wilkinson, and P. L. Simon. Exact equations for SIR epidemics on tree graphs. *Bull. Math. Biol.*, 77(4):614–645, 2015.
- [10] Stefan Cunha Ujvari. *Storia delle epidemie*. Odoya, 2020.

- [11] Minus Van Baalen. Pair approximations for different spatial geometries. *The geometry of ecological interactions: simplifying spatial complexity*, 742:359–387, 2000.

Elenco delle figure

1.1	Analisi dei dati della peste di Eyam	10
1.2	Due esempi di grafi.	11
1.3	Grafo e matrice di adiacenza del toast.	12
1.4	Due grafi con stesso grado di distribuzione e coefficienti di miscelamento	14
2.1	Grafo con 3 nodi.	15
2.2	Sperimentazione in MATLAB relativo al grafo 2.1	18
2.3	Confronto tra modello esatto e chiuso alle coppie per 2.1	23
2.4	Confronto tra il modello esatto, chiuso alle coppie e alle triple per il grafo 2.9	24
2.5	Cut-vertex e decomposizione in sottoreti	26
2.6	Sperimentazione in MATLAB relativo al grafo 2.1	30
2.7	Errori assoluti relativi al grafo 2.1 tra modello esatto e cut-vertex	31
2.8	Errori assoluti relativi al grafo 2.1 tra modello esatto e chiuso alle coppie	32
2.9	Lollipop	33
2.10	Decomposizione della rete lollipop.	35
2.11	Sperimentazione in MATLAB relativo al grafo 2.9	38
2.12	Errori assoluti relativi al grafo 2.9 tra il modello esatto e con cut-vertex	39
2.13	Errori assoluti relativi al grafo 2.9 tra il modello esatto e quello chiuso alle coppie	40
3.1	Grafico della rete stradale del Minnesota.	42
3.2	Numero d'iterazione di ode45 e ode15 sulla rete stradale del Minnesota al variare dei parametri	43
3.3	Stiff ratio alle condizioni iniziali sulla rete stradale del Minnesota al variare dei parametri	44
3.4	Grafico della prevalenza al variare del grado del nodo inizialmente infetto.	45

Elenco delle tabelle

1.1	Popolazione di deceduti e rimossi.	9
1.2	Numero di suscettibili ed infetti. Dati reali.	9
1.3	Numero di suscettibili ed infetti. Dati sperimentali.	10

Indice

Introduzione	2
1 Epidemiologia matematica e reti	4
1.1 Il modello SIR	4
1.1.1 Un esempio	9
1.2 Reti complesse e grafi	11
2 Il modello SIR <i>bottom-up</i> su una rete	15
2.1 Un primo esempio	15
2.2 Chiusure	19
2.2.1 Chiusura al livello delle coppie	19
2.2.2 Chiusura al livello delle triple	21
2.2.3 Approccio generale alla chiusura	25
2.3 Un esempio completo	33
2.3.1 Modello esteso	33
2.3.2 Modello chiuso	35
3 Esempi su reti reali	41
3.1 Minnesota	41
Conclusioni	46

Bibliografia	48
Elenco delle figure	49
Elenco delle tabelle	50