

# Dalla dinamica delle popolazioni all'epidemiologia

## Alcuni semplici modelli differenziali

G. Verzini

gianmario.verzini@polimi.it

$P = P(t)$  = n. di individui di una popolazione all'istante  $t$

$$P(0) = P_0 > 0 \quad P(t) = ? \quad , \quad t > 0$$

HP: • popolazioni molto numerose

$$\rightarrow P(t) \in \mathbb{R}$$

$\rightarrow$  eventi aleatori trascurabili

Malthus 1798, Verhulst ~1840

in  $\Delta t$

• fertilità: ogni individuo genera  $n\Delta t$  nuovi individui

• mortalità: " " ha probabilità di morire  $m\Delta t$

$m, n > 0$ , costanti

tassi

$$P(t + \Delta t) - P(t) = \underbrace{n\Delta t \cdot P(t)}_{\text{nuovi}} - \underbrace{m\Delta t \cdot P(t)}_{\text{deceduti}}$$

$$\frac{P(t + \Delta t) - P(t)}{\Delta t} = (n - m) P(t) \quad \frac{1}{\text{tempo}}$$

$\Delta t \rightarrow 0$

$$P'(t) = (n - m) P(t) \quad \text{Eq. diff.}$$

$$\begin{cases} P'(t) = (n-m) P(t) \\ P(0) = P_0 \end{cases} \leftarrow$$

$$\rightarrow P_0 = 0 \Rightarrow P(t) \equiv 0 \quad t > 0$$

$$\frac{P'(t)}{P(t)} = n-m$$

$$\int \frac{P'(t)}{P(t)} dt = \int (n-m) dt + C$$

$$\ln |P(t)| = (n-m)t + C$$

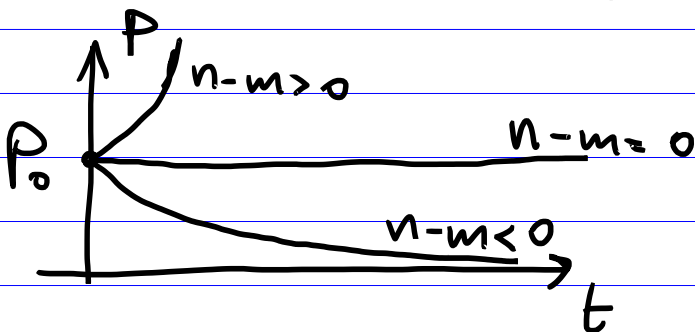
$t=0$

$$\ln P_0 = C$$

$$\ln |P(t)| = (n-m)t + \ln P_0$$

$$|P(t)| = e^{(n-m)t + \ln P_0}$$

$$P(t) = P_0 e^{(n-m)t} \quad (P(t) > 0 \quad \forall t > 0)$$



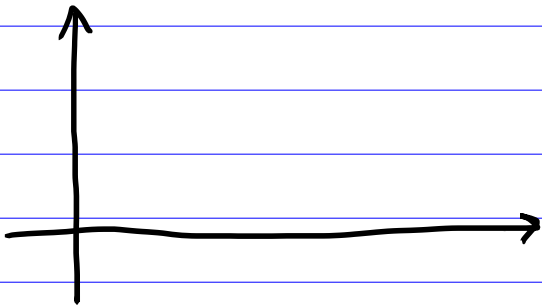
Significato dei parametri

$m$  è una frequenza  $\rightsquigarrow \frac{1}{m}$  è un tempo

$\left[ \frac{1}{m} \right]$   
= aspettativa media di vita

numero medio di individui generati da un singolo durante la sua vita =  $\frac{n}{m} = R_0$

Numero di riproduz. di base



ADIMENSIONALIZZAZIONE

$$\tilde{t} = mt \iff \frac{\tilde{t}}{m} = t$$

$$u(\tilde{t}) = P\left(\frac{\tilde{t}}{m}\right)$$

$$u'(\tilde{t}) = P'\left(\frac{\tilde{t}}{m}\right) \cdot \frac{1}{m}$$

$$= \frac{1}{m} (n-m) P\left(\frac{\tilde{t}}{m}\right)$$

$$= \left( \frac{n}{m} - \frac{m}{m} \right) P\left(\frac{\tilde{t}}{m}\right)$$

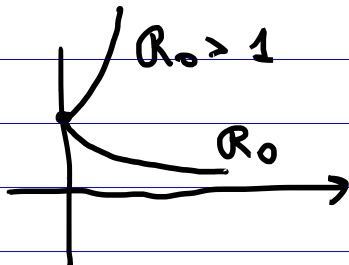
$R_0$                        $u(\tilde{t})$

$$h(x) = f(g(x))$$

$$h'(x) = f'(g(x)) \cdot g'(x)$$

$$P' = (n-m)P$$

$$u' = (R_0 - 1)u$$



Modelli compartimentali per l'epidemiologia

# SIR (Kermack - McKendrick, 1927)

$S = S(t) =$  suscettibili

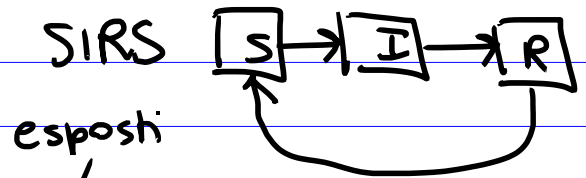
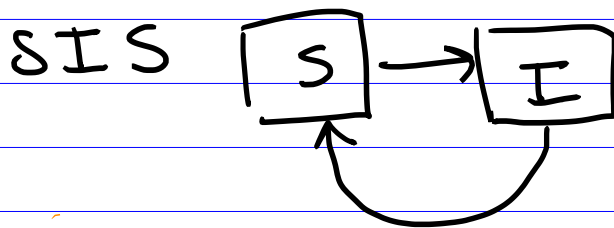
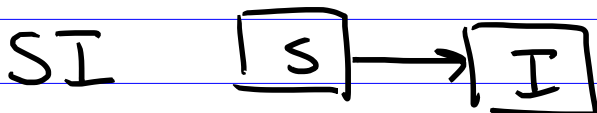
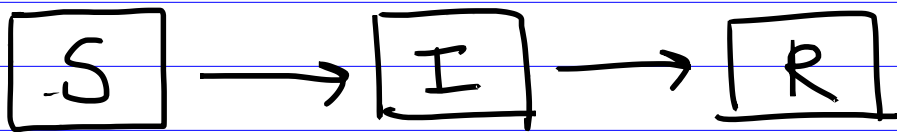
$I = I(t) =$  infettivi

$R = R(t) =$  rimossi  $\rightarrow$   $\left\{ \begin{array}{l} \rightarrow$  guariti immuni \\  $\rightarrow$  deceduti \\  $\rightarrow$  isolati/quarant.

- numero totale costante:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \text{ costante}$$

- probabilità di incontri uniforme
- no incubazione
- immunità permanente



---

$\rightarrow$  prob. incontri  $\rightarrow$   $\beta$   
 $\rightarrow$  prob. transmiss.  $\rightarrow$   $\frac{\beta}{N}$

$$\begin{cases} S'(t) = -\frac{\beta}{N} S(t) I(t) \\ I'(t) = \frac{\beta}{N} S(t) I(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) = \gamma I(t) \end{cases}$$

$\frac{1}{\gamma}$  periodo di malattia  
 $\frac{\beta}{N}$   $\frac{1}{m}$

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

numero di riproduzione di base  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$

$$\tilde{t} = \gamma t, \quad u = \frac{1}{N} S$$

$$v = \frac{1}{N} I$$

$$w = \frac{1}{N} R$$

$$S \rightarrow \begin{cases} u' = -R_0 u v \\ v' = R_0 u v - v \\ w' = v \end{cases}$$

$$u(t) + v(t) + w(t) = 1$$

$$\Rightarrow 0 \leq u, v, w \leq 1$$

$u' < 0 \Rightarrow u$  decresce

$$u(t) \rightarrow u_\infty$$

$w' > 0 \Rightarrow w$  cresce

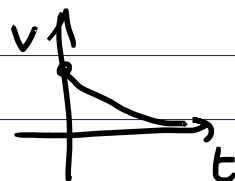
$$w(t) \rightarrow w_\infty \quad t \rightarrow \infty$$

$$v'(t) = \left( \underbrace{R_0 u(t)}_{\substack{t=0 \\ R_0 u_0 - 1}} - 1 \right) v(t)$$

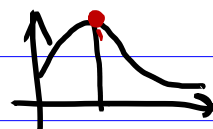
$$R_e(t) = R_0 u(t)$$

$$t \rightarrow \infty \quad R_0 u_\infty - 1$$

$$R_0 u_0 < 1 \quad \Rightarrow \quad v$$



$$R_0 u_0 > 1 \quad \Rightarrow$$



## BIBLIOGRAFIA

- Articolo introduttivo disponibile in rete:  
Stefano Daniele Sarti, La matematica delle epidemie: il modello SIR  
Archimede 3, 2020 [pdf online](#)
- Video con simulazioni numeriche postati su youtube da Grant Sanderson, in particolare:  
<https://www.youtube.com/watch?v=gxAaO2rsdIs>
- Con qualunque motore di ricerca si possono trovare moltissimi simulatori online per il modello SIR. Ad esempio, uno dovuto a Warren Weckesser " qui:  
<http://math.colgate.edu/~wweckesser/solver/DiseaseSIR.shtml>
- Testi completi per approfondimento:  
Mimmo Iannelli, Andrea Pugliese, An Introduction to Mathematical Population Dynamics - Along the trail of Volterra and Lotka, Springer Unitext 2016  
J.D. Murray, Mathematical Biology, vol. 1, Springer-Verlag, 2001