CONTROLLO DELLE EPIDEMIE E MODELLI MATEMATICI

LEZIONI LINCEE   4 maggio 2021

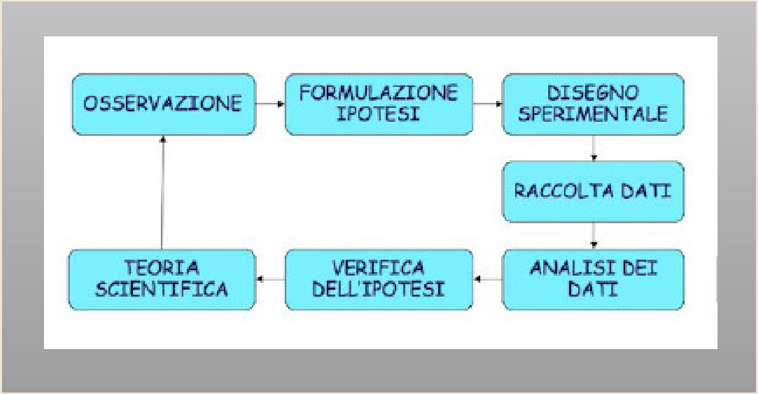
Mimmo Iannelli

Università di Trento

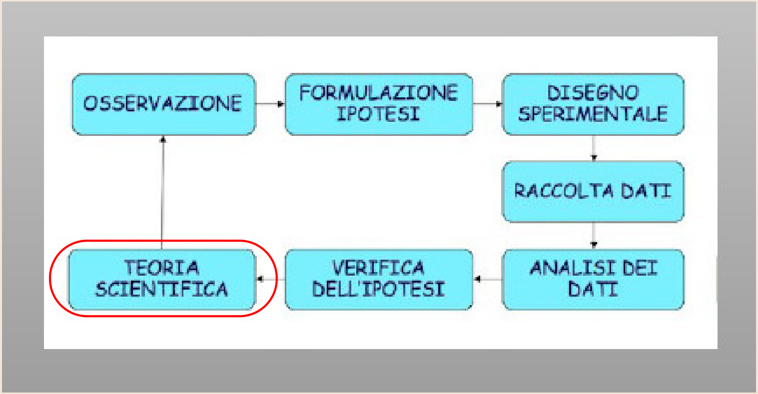
Perché un'epidemia esplode? Come fare per controllarla?

Un semplice modello può spiegare come mai una malattia si diffonde in una popolazione, identificando le condizioni perché questo avvenga e indicando quali interventi possono essere messi in atto per controllarne la propagazione. Parleremo del parametro fondamentale R_0 e del suo ruolo nella progressione dell'epidemia, della necessità di limitare i contatti, di tracciare gli infetti, di vaccinare su larga scala. Discuteremo dei vari possibili livelli di complessità dei modelli matematici e della loro capacità di previsione.

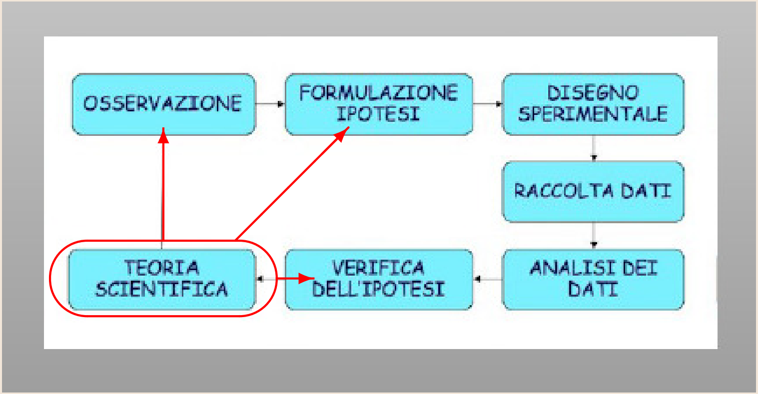
Il metodo scientifico



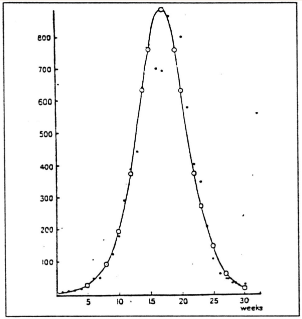
Il metodo scientifico

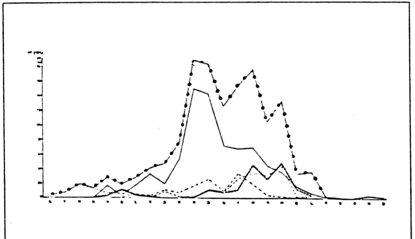


Il metodo scientifico

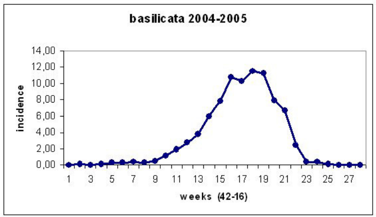


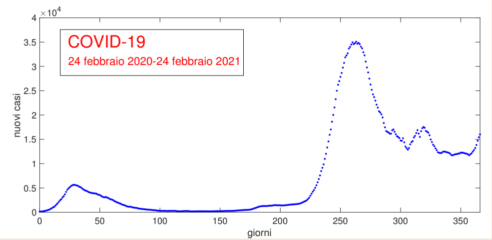
Uno sguardo ai dati





Morbillo: andamento mensile dei casi notificati, suddivisi per comprensorio, negli anni epidemici 1977-78.





Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Descrizione del fenomeno (grosso modo)

In una popolazione si sviluppa un'epidemia. Gli individui che la compongono si suddividono in

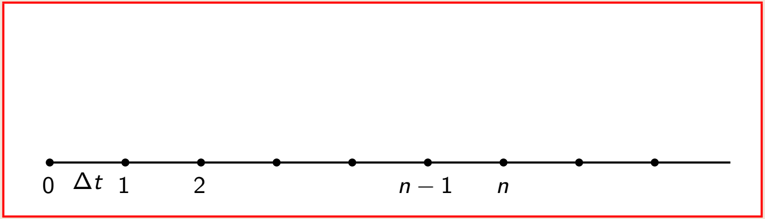
- suscettibili (i sani che possono essere infettati),
- infetti (i malati che possono trasmettere il contagio),
- immuni (quelli che hanno avuto l'infezione e sono guariti e immunizzati)

Ci interessa seguire come varia nel tempo la ripartizione della popolazione in queste classi.

Identificazione delle variabili

- il tempo
  suddividiamo la retta del tempo in intervalli di uguale ampiezza Δt che indichiamo con un indice intero n (tempo discreto)
- il numero di individui in ogni classe
  S_n,I_n,R_n, denoteranno in numero di individui nelle rispettive classi dei suscettibili, degli infetti e dei rimossi nell'intervallo di tempo corrispondente all'indice n. Conveniamo ad esempio di contare gli individui al termine dell'intervallo.

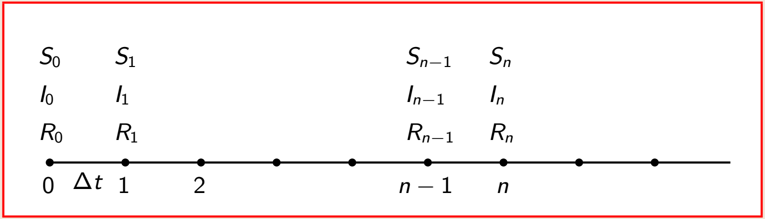
Formulazione di un modello (a tempo discreto)



Identificazione delle variabili

- il tempo
  suddividiamo la retta del tempo in intervalli di uguale ampiezza Δt che indichiamo con un indice intero n (tempo discreto)
- il numero di individui in ogni classe
  S_n,I_n,R_n, denoteranno in numero di individui nelle rispettive classi dei suscettibili, degli infetti e dei rimossi nell'intervallo di tempo corrispondente all'indice n. Conveniamo ad esempio di contare gli individui al termine dell'intervallo.

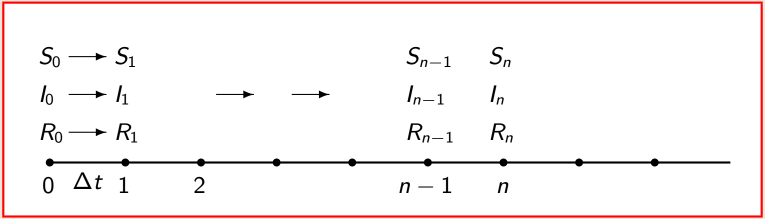
Formulazione di un modello (a tempo discreto)



Identificazione delle variabili

- il tempo
  suddividiamo la retta del tempo in intervalli di uguale ampiezza Δt che indichiamo con un indice intero n (tempo discreto)
- il numero di individui in ogni classe
  S_n,I_n,R_n, denoteranno in numero di individui nelle rispettive classi dei suscettibili, degli infetti e dei rimossi nell'intervallo di tempo corrispondente all'indice n. Conveniamo ad esempio di contare gli individui al termine dell'intervallo.

Formulazione di un modello (a tempo discreto)



Identificazione delle variabili

- il tempo
  suddividiamo la retta del tempo in intervalli di uguale ampiezza Δt che indichiamo con un indice intero n (tempo discreto)
- il numero di individui in ogni classe
  S_n,I_n,R_n, denoteranno in numero di individui nelle rispettive classi dei suscettibili, degli infetti e dei rimossi nell'intervallo di tempo corrispondente all'indice n. Conveniamo ad esempio di contare gli individui al termine dell'intervallo.

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.
  Poi
  - $1 - \lambda =$ probabilità che un suscettibile non sia contagiato da un infetto
  - $(1 - \lambda)^I =$ prob. che un suscettibile non sia contagiato da I infetti
- meccanismo di guarigione : nell'intervallo di tempo ogni individuo infetto ha una probabilità γ di guarire.
  Poi
  - $1 - \gamma =$ probabilità che un infetto rimanga tale

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- $C =$ numero di contatti da parte di un individuo
- $\chi =$ probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- $N =$ numero di individui della popolazione

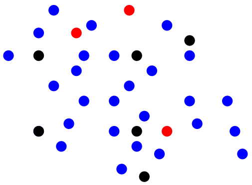
Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- C = numero di contatti da parte di un individuo
- χ = probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- N = numero di individui della popolazione



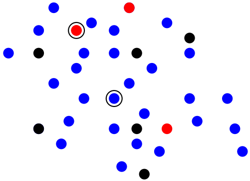
Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- C = numero di contatti da parte di un individuo
- χ = probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- N = numero di individui della popolazione



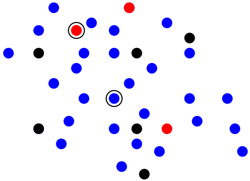
Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- C = numero di contatti da parte di un individuo
- χ = probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- N = numero di individui della popolazione



$$\frac{1}{N}$$

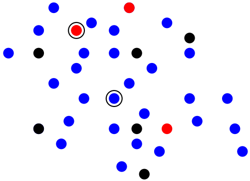
Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- C = numero di contatti da parte di un individuo
- χ = probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- N = numero di individui della popolazione



$$C\frac{1}{N}$$

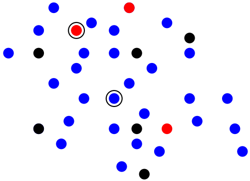
Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- C = numero di contatti da parte di un individuo
- χ = probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- N = numero di individui della popolazione



$$C\,\frac{1}{N}\,\chi$$

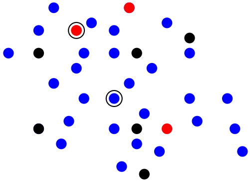
Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.

Per calcolare λ usiamo gli ingredienti:

- C = numero di contatti da parte di un individuo
- χ = probabilità di infettarsi in un contatto con un infetto
- N = numero di individui della popolazione



$$\lambda = \frac{C\chi}{N}$$

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Ipotizziamo due meccanismi fondamentali

- meccanismo di contagio : nell'intervallo di tempo considerato, ogni individuo suscettibile ha una probabilità λ di essere contagiato da un infetto.
  Poi
  - $1 - \lambda =$ probabilità che un suscettibile non sia contagiato da un infetto
  - $(1 - \lambda)^I =$ prob. che un suscettibile non sia contagiato da I infetti
- meccanismo di guarigione : nell'intervallo di tempo ogni individuo infetto ha una probabilità γ di guarire.
  Poi
  - $1 - \gamma =$ probabilità che un infetto rimanga tale

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Componiamo il modello

$$
\begin{array}{ccccccccc}
S_0 \longrightarrow & S_1 & & & & S_{n-1} & S_n & & \\
I_0 \longrightarrow & I_1 & & \longrightarrow & \longrightarrow & I_{n-1} & I_n & & \\
R_0 \longrightarrow & R_1 & & & & R_{n-1} & R_n & & \\
\bullet & \bullet & \bullet & \bullet & \bullet & \bullet & \bullet & \bullet & \bullet \\
0 & 1 & 2 & & & n-1 & n & &
\end{array}
$$

ricordiamo: $(1-\lambda)^I$ = prob. che un suscettibile non sia contagiato da I infetti

γ = prob. che un infetto guarisca

$$S_n = (1-\lambda)^{I_{n-1}}\ S_{n-1}$$

$$I_n = \left[1-(1-\lambda)^{I_{n-1}}\right]\ S_{n-1} + (1-\gamma)\ I_{n-1}$$

$$R_n = R_{n-1} + \gamma\ I_{n-1}$$

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Componiamo il modello

$$
\begin{array}{ccccccccccc}
S_0 & \longrightarrow & S_1 & & & & & S_{n-1} & & S_n \\
I_0 & \longrightarrow & I_1 & & \longrightarrow & \longrightarrow & & I_{n-1} & & I_n \\
R_0 & \longrightarrow & R_1 & & & & & R_{n-1} & & R_n \\
0 & & 1 & 2 & & & & n-1 & & n
\end{array}
$$

ricordiamo: $(1-\lambda)^I$ = prob. che un sus

da I infetti

γ = prob. che un inf

$$S_n = (1-\lambda)^{I_{n-1}}\ S_{n-1}$$

$$I_n = \left[1-(1-\lambda)^{I_{n-1}}\right]$$

$$R_n = R_{n-1} + \gamma\ I_{n-1}$$

$$S_{n-1} \begin{cases} \nearrow & S_n \quad \text{"sopravvissuti"} \\ \searrow & (S_{n-1} - S_n)\left\{ \begin{array}{l}\text{nuovi}\\ \text{infetti}\end{array}\right. \end{cases}$$

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Componiamo il modello

$$S_0 \longrightarrow S_1 \qquad \qquad S_{n-1} \quad S_n$$
$$I_0 \longrightarrow I_1 \quad \longrightarrow \quad \longrightarrow \quad I_{n-1} \quad I_n$$
$$R_0 \longrightarrow R_1 \qquad \qquad R_{n-1} \quad R_n$$

$$0 \qquad 1 \qquad 2 \qquad \qquad n-1 \qquad n$$

ricordiamo: $(1-\lambda)^I$ = prob. che un sus
da I infetti

γ = prob. che un inf

$$S_n = (1-\lambda)^{I_{n-1}}\ S_{n-1}$$

$$I_n = \left[1-(1-\lambda)^{I_{n-1}}\right]$$

$$R_n = R_{n-1} + \gamma\ I_{n-1}$$

$$S_{n-1} \begin{cases} \nearrow S_n & \text{"sopravvissuti"} \\ \searrow (S_{n-1}-S_n) & \left\{\text{nuovi infetti}\right. \end{cases}$$

$$\frac{S_n}{S_{n-1}} = (1-\lambda)^{I_{n-1}}$$

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Componiamo il modello

$$
\begin{array}{cccccccc}
S_0 \longrightarrow & S_1 & & & & S_{n-1} & S_n \\
I_0 \longrightarrow & I_1 & & \longrightarrow & \longrightarrow & I_{n-1} & I_n \\
R_0 \longrightarrow & R_1 & & & & R_{n-1} & R_n \\
0 & 1 & 2 & & & n-1 & n
\end{array}
$$

ricordiamo: $(1-\lambda)^I$ = prob. che un sus
da I infetti

γ = prob. che un inf

$$S_n = (1-\lambda)^{I_{n-1}}\ S_{n-1}$$

$$I_n = \left[1-(1-\lambda)^{I_{n-1}}\right]$$

$$R_n = R_{n-1} + \gamma\ I_{n-1}$$

$$S_{n-1} \begin{cases} \nearrow\ S_n \quad \text{"sopravvissuti"} \\ \searrow\ (S_{n-1}-S_n)\left\{\begin{array}{l}\text{nuovi}\\ \text{infetti}\end{array}\right. \end{cases}$$

$$\frac{S_n}{S_{n-1}} = (1-\lambda)^{I_{n-1}}$$

$$\frac{(S_{n-1}-S_n)}{S_{n-1}} = 1-(1-\lambda)^{I_{n-1}}$$

Formulazione di un modello (a tempo discreto)

Componiamo il modello

$$\begin{array}{cccccccccc}
S_0 \longrightarrow & S_1 & & & & S_{n-1} & S_n & & \\
I_0 \longrightarrow & I_1 & \longrightarrow & \longrightarrow & & I_{n-1} & I_n & & \\
R_0 \longrightarrow & R_1 & & & & R_{n-1} & R_n & & \\
0 & 1 & 2 & & & n-1 & n & &
\end{array}$$

ricordiamo: $(1-\lambda)^I$ = prob. che un suscettibile non sia contagiato da I infetti

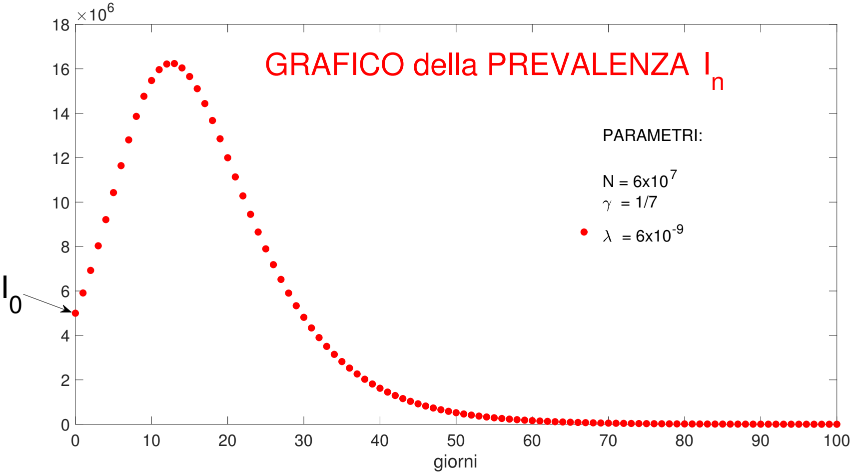
γ = prob. che un infetto guarisca

$$S_n = (1-\lambda)^{I_{n-1}} \; S_{n-1}$$

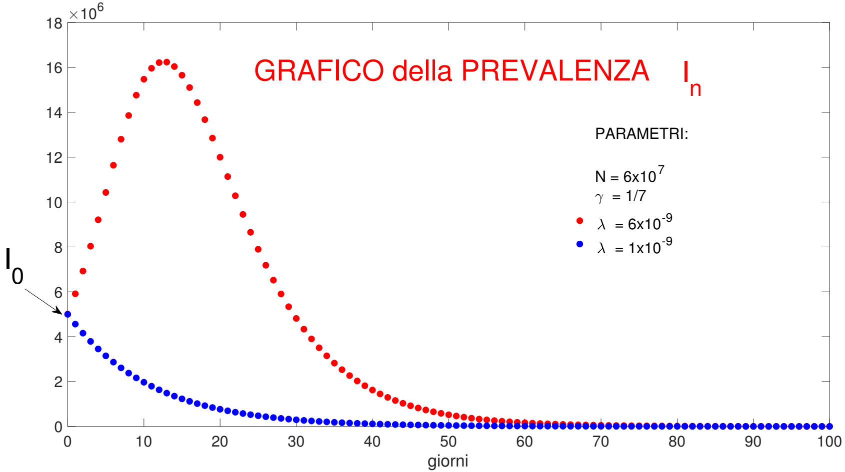
$$I_n = \left[1-(1-\lambda)^{I_{n-1}}\right] \; S_{n-1} + (1-\gamma) \; I_{n-1}$$

$$R_n = R_{n-1} + \gamma \; I_{n-1}$$

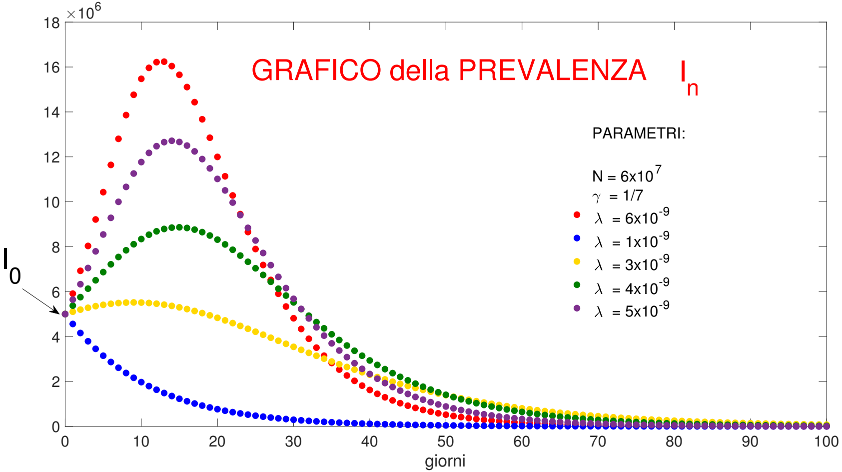
Simulazioni numeriche



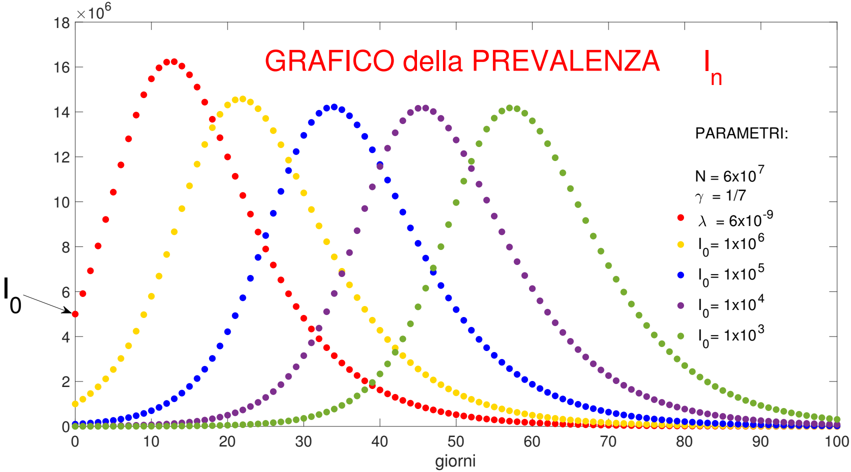
Simulazioni numeriche



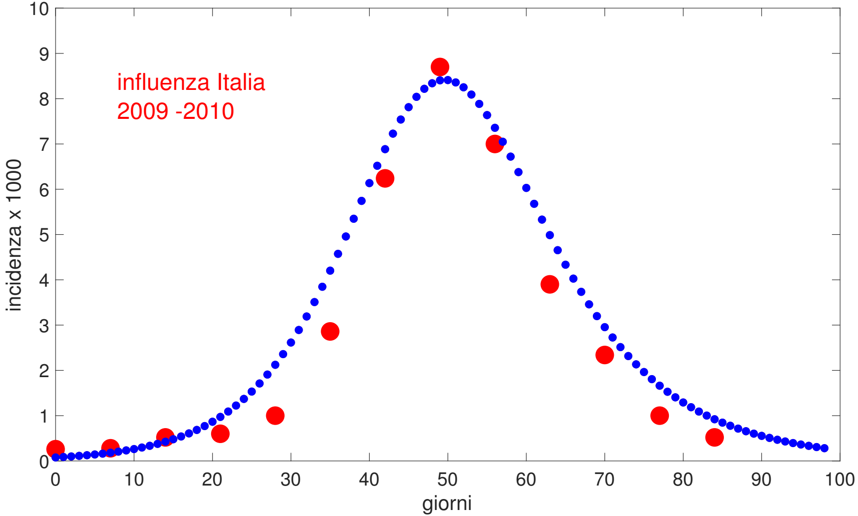
Simulazioni numeriche



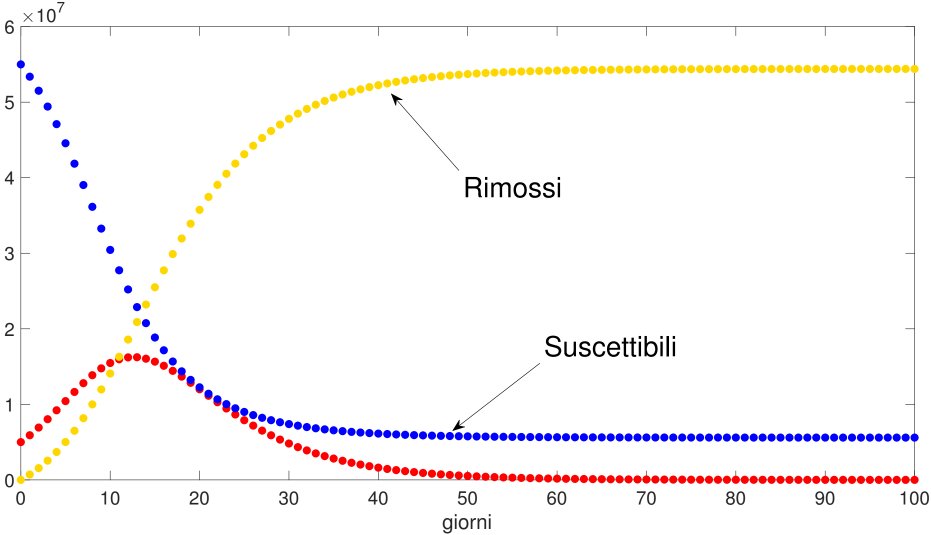
Simulazioni numeriche



Confronto con i dati



Analisi del modello



Analisi del modello

Equazione per gli infetti:

$$I_n = \left[1 - (1-\lambda)^{I_{n-1}}\right] \; S_{n-1} + (1-\gamma) \; I_{n-1}$$

facciamo un'approssimazione usando:

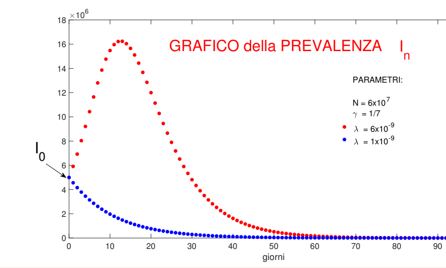
$$(1-x)^m \approx 1 - m\,x$$

l'equazione diventa:

$$I_n - I_{n-1} = [\lambda S_{n-1} - \gamma] \; I_{n-1}$$

FATTORE CRUCIALE:

- $[\lambda S_{n-1} - \gamma] > 0 \to I_n > I_{n-1}$
- $[\lambda S_{n-1} - \gamma] < 0 \to I_n < I_{n-1}$



Analisi del modello

Il fattore cruciale:

$$[\lambda S_{n-1} - \gamma] < 0 \longrightarrow \left[\frac{\lambda S_{n-1}}{\gamma} - 1\right] < 0 \longrightarrow \frac{\lambda S_{n-1}}{\gamma} < 1$$

usando $\lambda = \frac{c\chi}{N}$ $\longrightarrow$ $\frac{c\chi}{\gamma}\frac{S_{n-1}}{N} < 1$

Analisi del modello

Il fattore cruciale:

$$[\lambda S_{n-1} - \gamma] < 0 \longrightarrow \left[\frac{\lambda S_{n-1}}{\gamma} - 1\right] < 0 \longrightarrow \frac{\lambda S_{n-1}}{\gamma} < 1$$

usando $\lambda = \frac{c\chi}{N}$ $\longrightarrow$ $\frac{c\chi}{\gamma}\frac{S_{n-1}}{N} < 1$

$$\boxed{\mathcal{R}_n = \mathcal{R}_0 \frac{S_{n-1}}{N} < 1}$$

numero riproduttivo effettivo

numero riproduttivo di base
(nuovi casi prodotti da un infetto
durante tutta la sua malattia)

Controllo dell'epidemia

OBIETTIVO: $\mathcal{R}_n = \mathcal{R}_0 \dfrac{S_0}{N} < 1$

Anzitutto

$$\mathcal{R}_0 = \frac{c\chi}{\gamma} \quad \text{diminuisce se} \begin{cases} \text{diminuisce } C \text{ (distanziamento)} \\ \text{diminuisce } \chi \text{ (precauzioni)} \\ \text{cresce } \gamma \quad \text{(cure, isolamento)} \end{cases}$$

Poi

$$\frac{S_0}{N} \quad \text{è basso se} \begin{cases} \text{il numero iniziale di suscettibili } S_0 \text{ è basso} \\ \text{Ossia se il numero dei rimossi } R_0 \text{ è alto} \\ \text{(immunità pregressa, vaccinazione)} \end{cases}$$

Altri modelli, altra matematica

- modelli a tempo continuo (equazioni differenziali)
- modelli computer-based
- modelli stocastici
- modelli con struttura (non "omogenei")
  - modelli a più classi epidemiche
  - modelli con struttura demografica (età degli individui)
  - modelli con struttura spaziale
  -
  -
- modelli con immunità variabile
- modelli di vaccinazione
- modelli di malattie non immunizzanti o con immunità parziale
- modelli "multi-strain"
-
-
-

Perché un'epidemia esplode?
Come fare per controllarla?

Perché un'epidemia esplode?
Come fare per controllarla?

La risposta è
la ricerca stessa
di una risposta ...

J. Cercas, 2021.

Grazie

per

l'attenzione