

# Corso di Calcolo Numerico

## Ingegneria Meccanica A.A. 2019-20

...forse quest'anno possiamo anche divertirci...

Prof. Stefano De Marchi

Università degli studi di Padova  
Dipartimento di Matematica "Tullio Levi-Civita"  
<http://www.math.unipd.it/~demarchi>

Ecco perchè serve risolvere  $f(x) = 0$

# Sommario

## Lezione 8

Modello lineare di Malthus

Modello non lineare di Verhulst

Modello **lineare** di Volterra

Modello di Lotka-Volterra

Modelli epidemiologici

Applicazione a COVID-19

# Modelli di evoluzione di una popolazione

## Scopo della lezione

1. Far capire come i modelli di evoluzione di una popolazione (batteri, **virus**, animali,...), siano studiabili come metodi iterativi per la ricerca di zeri di funzione.
2. Si tratta di successioni il cui valore corrente dipende da quello precedente tramite una funzione di iterazione, che rappresenta l'evoluzione della popolazione.

I due modelli più semplici sono: *modello lineare di Malthus* e quello *quadratico di Verhulst*. Poi studieremo brevemente il *modello lineare discreto (del modello differenziale) di Volterra*, applicato all'evoluzione di due popolazioni concorrenti, e la sua controparte non lineare noto come *modello di Lotka-Volterra*.

# Modelli di evoluzione di una popolazione

## Scopo della lezione

1. Far capire come i modelli di evoluzione di una popolazione (batteri, **virus**, animali,...), siano studiabili come metodi iterativi per la ricerca di zeri di funzione.
2. Si tratta di successioni il cui valore corrente dipende da quello precedente tramite una funzione di iterazione, che rappresenta l'evoluzione della popolazione.

I due modelli più semplici sono: *modello lineare di Malthus* e quello *quadratico di Verhulst*. Poi studieremo brevemente il *modello lineare discreto (del modello differenziale) di Volterra*, applicato all'evoluzione di due popolazioni concorrenti, e la sua controparte non lineare noto come *modello di Lotka-Volterra*.



# Modello di Malthus

## Ipotesi di Malthus

Malthus aveva visioni pessimistiche sia come demografo che come economista. Sosteneva che la **crescita di una popolazione matematicamente è una crescita geometrica**.

Se  $x_0$  è il numero di individui iniziali, allora dopo un certo tempo la popolazione sarà  $x_1 = x_0 + g x_0 = (1 + g)x_0$ , con  $g \in \mathbb{R}$  che è detto **fattore di crescita**, in inglese **growth rate**.

Quindi

$$x_1 = (1 + g)x_0, \quad x_2 = (1 + g)x_1 = (1 + g)[(1 + g)x_0] = (1 + g)^2 x_0$$

e al passo  $k$

$$\boxed{x_k = (1 + g)^k x_0 \quad g \in \mathbb{R}} \quad (1)$$

che è una **progressione geometrica di ragione  $1 + g$** .

## Come varia la popolazione?

**Risposta:** in funzione di  $g$  e del valore iniziale  $x_0$ .

### Studio della successione

La successione (o progressione) geometrica (1). Essa converge *se e solo se*  $|1 + g| < 1$  per ogni valore della popolazione iniziale  $x_0$  quindi *convergenza* se e solo se  $-2 < g < 0$ . In dettaglio

- ▶ Se  $-2 < g \leq -1$  ovvero  $-1 < 1 + g < 0$ ,  $x_k$  sarà negativo per  $k$  dispari e positivo altrimenti  $\implies$  non sapremo dire nulla!
- ▶ Se  $g = -1$ ,  $1 + g = 0$  e quindi  $x_k = 0$ ,  $\forall k$ .
- ▶ Infine quando  $-1 < g < 0$ ,  $1 + g < 1$  per cui  $x_k < x_0$ : la *popolazione si estingue!*

## Casi non ammissibili

- ▶ Se fosse  $g = 0$  la popolazione rimarrebbe inalterata  
 $x_k = x_0, \forall k$ .
- ▶ Naturalmente **divergenza** quando  $g > 0$ . Infatti, se  $1 + g > 1$  che implica  $x_k > x_{k-1} > \dots > x_0$ : *la popolazione crescerebbe esponenzialmente.*

## Esempio

Come esempio, consideriamo la popolazione iniziale  $x_0 = 100$  e consideriamo 20 iterazioni e valori di  $g$  indicati. L'evoluzione della popolazione è come in figura 2

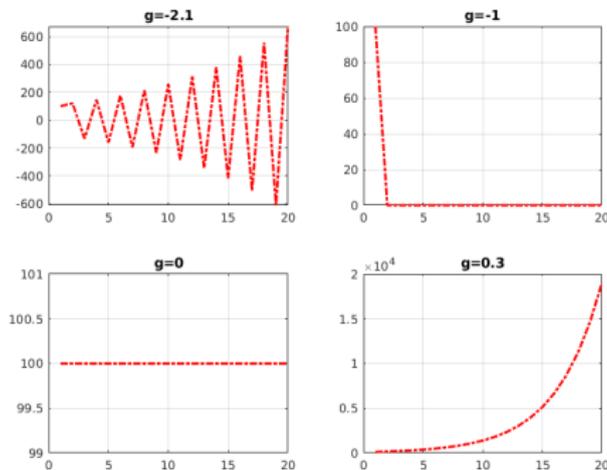


Figure: Processo di Malthus a partire da una popolazione  $x_0 = 100$  per diversi valori di  $g$ .



## Continua

Nel 1838 in Verhulst, P. F. *Notice sur la loi que la population poursuit dans son accroissement*, Corresp. Math. Phys. 10:113-121, propose un nuovo modello assumendo un fattore di crescita di tipo lineare  $g(x) = -ax + b$ ,  $a > 0$ .

### Modello

Partendo da una popolazione iniziale  $x_0$ , la (1) al passo  $k$ , si scriverà come

$$x_{k+1} = x_k(1 + g(x_k)) = -ax_k^2 + (1 + b)x_k. \quad (2)$$

L'equazione (2) ha senso fisico se  $a > -1$  e  $0 \leq x \leq \frac{1+b}{a}$  (perchè la popolazione deve essere sempre  $\geq 0$ ).

### Osservazione

Il modello è equivalente alla mappa quadratica  $T : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}_+$

$$T(x) = -ax^2 + (1 + b)x. \quad (3)$$

Consideriamo la trasformazione lineare

$$x = \frac{(1+b)}{a}y$$

che mappa l'intervallo  $[0, (1+b)/a]$ , dove la parabola di (3) è  $T(x) \geq 0$ , in  $[0, 1]$ . Otteniamo

$$\tilde{T}(y) = -a \left( \frac{1+b}{a} \right)^2 y^2 + (1+b) \cdot \left( \frac{1+b}{a} \right) y \quad (4)$$

Semplificando

$$\tilde{T}(y) = -\kappa y^2 + \kappa y \quad (5)$$

avendo posto  $\kappa = \frac{(1+b)^2}{a}$ , vedi Fig. 4.

## Mappa

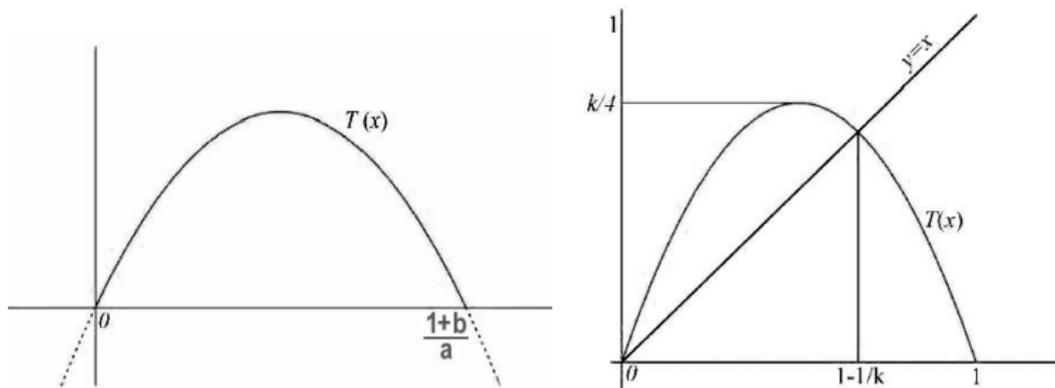


Figure: La trasformazione lineare della parabola  $T(x) \geq 0$  in  $[0, 1]$

## Continua

Possiamo allora studiare l'iterazione

$$x_{k+1} = -\kappa x_k^2 + \kappa x_k, \quad 0 < \kappa \leq 4. \quad (6)$$

Il processo iterativo (6) si chiama **processo logistico discreto**.

### Processo logistico discreto

Partendo da un  $x_0 \in (0, 1]$ , scelto un valore di  $\kappa \in (0, 4]$ , itereremo la mappa (6) un certo numero di volte, ottenendo un punto del cosiddetto **diagramma di Verhulst**

# Diagramma di Verhulst

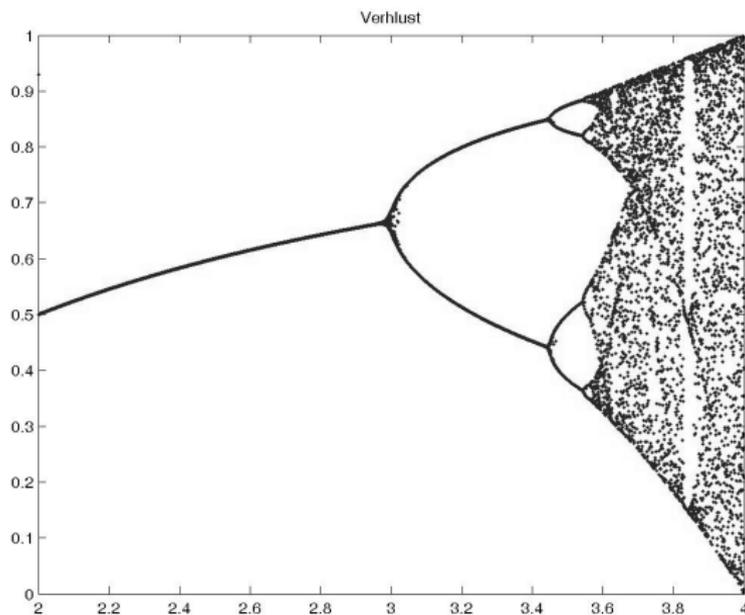


Figure: Iterazione del processo di Verhulst che origina il ben noto *diagramma di biforcazione*

## Riassunto finora

Riassumendo, indichiamo in tabella 1, le differenze tra i due approcci.

	<i>Malthus: lineare</i>	<i>Verhulst: non lineare</i>
fattore di crescita	costante $g$	lineare $g(x) = -ax + b$
processo	$\begin{cases} x_0 \\ x_{n+1} = (1 + g)x_n \end{cases}$	$\begin{cases} x_0 \\ x_{n+1} = -kx_n^2 + kx_n \\ k = (1 + b)^2/a \end{cases}$
trasformazione	$T(x) = (1 + g)x$	$T(x) = -kx^2 + kx$

**Table:** Tabella di confronto tra le iterazioni di Malthus e Verhulst

### Nota bene

Il processo di Malthus è un metodo di punto fisso con funzione d' iterazione  $m(x) = (1 + g)x$ . Il processo di Verhulst è un metodo di punto fisso con funzione d' iterazione  $v(x) = -\kappa x(x - 1)$ . Le costanti  $g$  e  $\kappa$  devono soddisfare le condizioni discusse sopra

## Interazione tra 2 popolazioni: modello lineare di Volterra

Si suppone che il tasso di crescita delle 2 popolazioni  $x$  e  $y$ , sia proporzionale e costante al numero di individui di ciascuna, nonché diverso per le 2 popolazioni.

$$x_{n+1} = (1 + a)x_n + by_n \quad (7)$$

$$y_{n+1} = cx_n + (1 + d)y_n \quad (8)$$

con  $x_n, y_n$  gli individui al passo  $n$ .

Equivalentemente

$$\begin{pmatrix} x_{n+1} \\ y_{n+1} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 + a & b \\ c & 1 + d \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_n \\ y_n \end{pmatrix}$$

$$T : \mathbb{R}^2 \longrightarrow \mathbb{R}^2, \quad T(X) = X' := A \cdot X$$

con  $A$  matrice dei coefficienti e  $X = [x \ y]'$ .

## Esempio: Volterra lineare

Consideriamo Figura 6: due popolazioni iniziali  $x_0 = 10$ ,  $y_0 = 20$ .

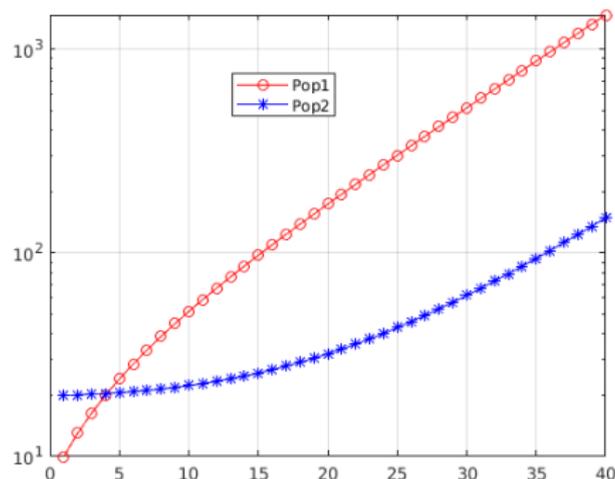


Figure:  $a = b = 0.1$ ,  $c = 0.01$ ,  $d = 0$ : evoluzione dopo 40 passi.

## Foto

Iniziamo con le foto dei protagonisti



Figure: Alfred J. Lotka (1880-1949)(sx) e Vito Volterra (1860-1940)(dx)

## Modello non lineare di Lotka-Volterra

Il modello è un sistema differenziale  $2 \times 2$  che lega l'evoluzione delle popolazioni come segue

$$\frac{dx(t)}{dt} = x(t)(a - by(t)) \quad (9)$$

$$\frac{dy(t)}{dt} = -y(t)(c - dx(t)) \quad (10)$$

dove  $a, b, c, d \in \mathbb{R}$  e le funzioni  $x : I = [\alpha_1, \beta_1] \subseteq \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ ,  
 $y : J = [\alpha_2, \beta_2] \subseteq \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ . Approssimando le derivate a primo membro con Taylor arrestato al primo ordine, si ottiene

$$\frac{dx(t)}{dt} \approx \frac{x(t+h) - x(t)}{h} \quad (11)$$

$$\frac{dy(t)}{dt} \approx \frac{y(t+h) - y(t)}{h} \quad (12)$$

## Modello non lineare di Lotka-Volterra

Il modello è un sistema differenziale  $2 \times 2$  che lega l'evoluzione delle popolazioni come segue

$$\frac{dx(t)}{dt} = x(t)(a - by(t)) \quad (9)$$

$$\frac{dy(t)}{dt} = -y(t)(c - dx(t)) \quad (10)$$

dove  $a, b, c, d \in \mathbb{R}$  e le funzioni  $x : I = [\alpha_1, \beta_1] \subseteq \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ ,  
 $y : J = [\alpha_2, \beta_2] \subseteq \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ . Approssimando le derivate a primo membro con Taylor arrestato al primo ordine, si ottiene

$$\frac{dx(t)}{dt} \approx \frac{x(t+h) - x(t)}{h} \quad (11)$$

$$\frac{dy(t)}{dt} \approx \frac{y(t+h) - y(t)}{h} \quad (12)$$

# Continua

## Spiegazione

Consideriamo la funzione  $x(t)$ .

$$x(t+h) = x(t) + \frac{dx(t)}{dt} h + \mathcal{O}(h^2).$$

Da cui esplicitando la derivata e dimenticando i termini di ordine superiore si ottiene

$$\boxed{dx(t)/dt \approx \frac{x(t+h) - x(t)}{h}}$$

Se consideriamo una suddivisione degli intervalli di passo  $h$  cosicch   $x_n = x(t_n)$  e  $x_{n+1} = x(t_n + h)$  (e analogamente per  $y(t)$ ) si ottiene il **sistema non lineare di Lotka-Volterra** discretizzato

$$x_{n+1} - x_n = (a - by_n) x_n \quad (13)$$

$$y_{n+1} - y_n = (c x_n - d) y_n \quad (14)$$

con  $x_n, y_n$  gli individui al passo  $n$ ,  $a, b, c, d > 0$ .

## Continua

Pertanto, partendo dalle popolazioni iniziali  $x_0, y_0$  otteniamo il **sistema non lineare di Lotka-Volterra**

$$x_{n+1} = (a + 1)x_n - bx_n y_n \quad (15)$$

$$y_{n+1} = c x_n y_n + (1 - d) y_n \quad (16)$$

dove

- ▶ la prima equazione è quella della popolazione delle *prede* (che si assume abbiano una riserva di cibo illimitata);
- ▶ la seconda equazione è quella della popolazione dei *predatori*.

In Figura 8 presentiamo un esempio di evoluzione mediante lo schema non lineare di Lotka-Volterra.

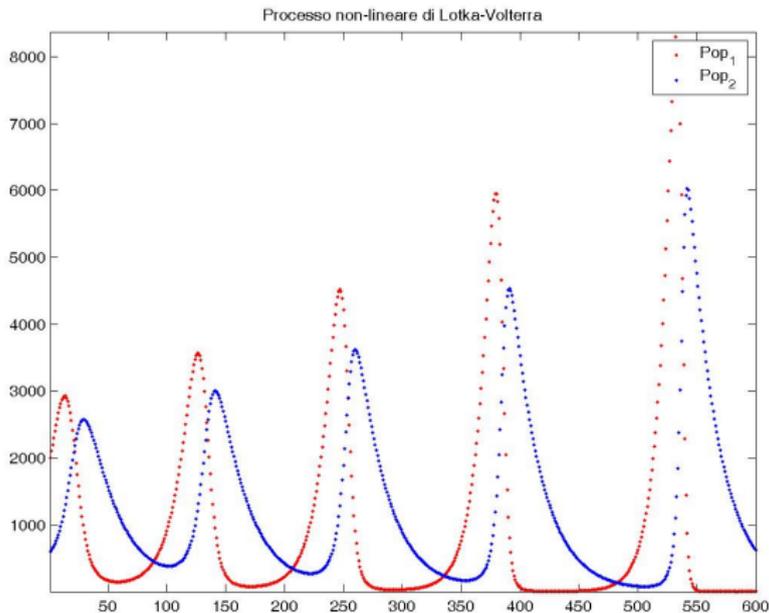


Figure: Valori scelti:  $x_0 = 2000$ ,  $y_0 = 600$ ,  $a = 0.1$ ,  $b = 0.00008333333$ ,  $c = 0.00004$ ,  $d = 0.04$ .

## Parte 2: modelli epidemiologici

# Modelli matematici epidemiologici

## Cosa sono?

- ▶ Consideriamo una comunità di  $N$  esseri umani. Durante un' **epidemia** possiamo dividere la comunità in tre sottopopolazioni formate da persone ***Suscettibili, Infette, Rimosse*** (tra queste ultime si contano le persone guarite e quelle decedute).
- ▶ Il numero delle persone in ciascuna popolazione è indicato con  $S$ ,  $I$ , e  $R$ , rispettivamente.

# Assunzioni I

1. la trasmissione avviene per “contatto” tra persone (ad es. attraverso gli apparati respiratori umani);
2. la comunità (l'insieme delle di persone che formano le tre popolazioni  $S$ ,  $I$ , e  $R$ ) è grande e chiusa, e cioè a parte il contagio iniziale, non si hanno movimenti di persone da o per la comunità (da qui il nome di modello SIR);
3. la numerosità della comunità rimane costante nel tempo (non ci sono nascite o morti naturali);
4. il tempo di latenza dell'infezione è nullo (una persona diventa infettiva al momento del contagio);

## Assunzioni II

5. il tasso di incontri tra le popolazioni suscettibili e infette è proporzionale alla loro numerosità, per cui il tasso si raddoppia al raddoppiarsi di una delle due popolazioni (legge dell'*azione di massa* o *mass action*);
6. il punto precedente implica che la distribuzione spaziale delle persone è uniforme, e che gli incontri tra due persone qualsiasi avvengono con uguale probabilità.

La numerosità delle singole popolazioni SIR è una funzione del tempo  $t$ . L'assunzione 3 dice che ad ogni istante di tempo  $t$  la numerosità della comunità rimane costante, e cioè:

$$\boxed{S(t) + I(t) + R(t) = N.} \quad (17)$$

## Nota Bene:

- ▶ prima dell'epidemia ( $t < 0$ )  $S = N$ , da cui  $I = R = 0$ ;  
l'epidemia comincia al tempo iniziale  $t = 0$  con  $I(0) \geq 1$ ,  
 $S(0) = N - I(0)$  e  $R(0) = 0$ ;
- ▶ a tempi successivi, le persone sane che vengono contagiate si spostano da  $S(t)$  a  $I(t)$ , e da  $I(t)$  si spostano a  $R(t)$ ;
- ▶ quindi  $S(t)$  è monotona decrescente e  $R(t)$  monotona crescente;
- ▶ ci si aspetta che  $I(t)$  aumenti all'inizio per poi diminuire (se la comunità si estinguesse al tempo  $t = T (= +\infty)$ , avremmo  $S(T) = I(T) = 0$  e  $R(T) = N$ ).

## Calcolo del numero di infezioni

### Numero di incontri

Se ogni persona si incontra mediamente con un'altra persona in una unità di tempo (ad es. un giorno), il numero di incontri totali in una comunità di  $N$  persone è:

$$\binom{N}{2} = \frac{N(N-1)}{2}.$$

L'infezione si propaga solo se una persona suscettibile incontra una persona infetta. Quindi la frazione di incontri potenzialmente propaganti l'infezione ad ogni tempo  $t$  è pari a:

$$2 \frac{S(t) \cdot I(t)}{N(N-1)}.$$

## Esempio

### Esempio

Se a un certo tempo  $t$  abbiamo  $S(t) = 3$  suscettibili e  $I(t) = 2$  infetti ( $N = S(t) + I(t) = 5$ ), il numero di incontri totale è  $\binom{5}{2} = 10$ . Di questi, 5 sono fra suscettibili ( $N_s = \binom{3}{2} = 3$ ) e tra infetti ( $N_I = \binom{2}{2} = 1$ ) e quindi 5 incontri sono tra persone delle due popolazioni, e quindi a rischio:

$$\frac{5}{10} = \frac{2 * 5}{5 * 4} = \frac{2(N_s + N_I)}{N(N-1)} = \frac{10}{20}.$$

## Numero di incontri con propagazione dell'infezione

### Numero di incontri con propagazione dell'infezione

Detta  $\pi_0$  la probabilità che un incontro a rischio propaghi l'infezione, il numero totale di nuovi infetti nell'unità di tempo è:

$$\pi_0 \frac{2S(t)I(t)}{N(N-1)} N = \frac{2\pi_0}{N-1} S(t)I(t) = \beta S(t)I(t).$$

## Bilancio temporale dei suscettibili

### Bilancio temporale dei suscettibili

Se al tempo  $t_1$  abbiamo  $S(t_1)$  suscettibili e  $I(t_1)$  infetti, al tempo  $t_2 = t_1 + \Delta t$  i suscettibili saranno diminuiti di  $\Delta t \beta S(t_1) I(t_1)$ , cioè:

$$S(t_2) = S(t_1) - \Delta t \beta S(t_1) I(t_1).$$

## Bilancio temporale degli infetti

### Bilancio temporale degli infetti

Nello stesso intervallo di tempo, gli infetti saranno aumentati di  $\Delta t(\beta S(t_1)I(t_1) - \nu I(t_1))$ , dove  $\nu$  è la frazione di infetti “rimossi” (guariti o deceduti). Quindi:

$$I(t_2) = I(t_1) + \Delta t (\beta S(t_1)I(t_1) - \nu I(t_1)).$$

## Bilancio temporale dei rimossi

### Bilancio temporale dei rimossi

Siccome la numerosità della comunità è costante ad ogni tempo,  $R(t) = N - S(t) - I(t)$  per cui, utilizzando le due equazioni precedenti, si ha:

$$\begin{aligned}R(t_2) &= N - S(t_2) - I(t_2) \\ &= N - S(t_1) - I(t_1) + \Delta t (\beta S(t_1)I(t_1) - \beta S(t_1)I(t_1) + \nu I(t_1)) \\ &= R(t_1) + \Delta t \nu I(t_1).\end{aligned}$$

# Modello SIR

## Il Modello SIR discreto

Chiamando  $S_k = S(t_k)$ ,  $I_k = I(t_k)$ ,  $R_k = R(t_k)$ , il modello completo diventa:

$$S_{k+1} = S_k - \Delta t \beta S_k I_k$$

$$I_{k+1} = I_k + \Delta t (\beta S_k I_k - \nu I_k)$$

$$R_{k+1} = R_k + \Delta t \nu I_k$$

# Applicazione all'infezione COVID-19

## Dati rilevati

- ▶ Dal sito della protezione civile si seleziona il link “LA MAPPA DELLA SITUAZIONE desktop” da cui, in basso a destra, si possono scaricare tutti i dati;
- ▶ il seguente script matlab esegue le seguenti operazioni:
  - ▶ fissa i valori iniziali  $S_0$ ,  $I_0$  e  $R_0$ , e i valori dei coefficienti  $\beta$  e  $\nu$  e del passo temporale  $\Delta t$ ;
  - ▶ implementa l'iterazione precedente per un orizzonte temporale prefissato  $T_{\max}$ ;
  - ▶ disegna i grafici delle soluzioni  $S_k$ ,  $I_k$ ,  $R_k$  in funzione di  $t_k$  e il grafico dei dati sperimentali.

# Script Matlab

```
close all; clear all; clc;
Tmax=120; % tempo massimo di simulazione in giorni
DT=1e-1; % intervallo di tempo
Nsteps=Tmax/DT;
NComunita=150000; % numero totale di persone

S=zeros(Nsteps,1); R=zeros(Nsteps,1); I=zeros(Nsteps,1);
tempi=zeros(Nsteps,1);

Ninfetti_iniziali=350; beta=0.23/NComunita; ni=0.035;
I(1)=Ninfetti_iniziali; S(1)=NComunita-I(1); R(1)=0;
tempi(1)=0;
% Modello SIR discreto
for k=1:Nsteps-1
    tempi(k+1)=tempi(k)+DT;
    S(k+1)=S(k)-DT*beta*S(k)*I(k);
    I(k+1)=I(k)+DT*(beta*S(k)*I(k)-ni*I(k));
    R(k+1)=R(k)+DT*ni*I(k);
end
plot(tempi,S,'r', tempi,I,'b', tempi,R,'g')
hold on
% DATI VERI:
load("tempo_true.txt"); load("infetti_true.txt"); load("rimossi_true.txt");

plot(tempo_true,infetti_true,'om', tempo_true,rimossi_true,'*b')
legend("Suscettibili","Infetti","Rimossi","Infetti Veri","Rimossi Veri");
xlabel("Tempo (g)"); ylabel("N. Persone");
```

# Calibrazione Modello I

## Calibrazione manuale

Variare i parametri  $I_0$ ,  $\beta$ ,  $\nu$ , all'interno di un range di valori compatibili e confrontare le curve sperimentali (dati rilevati) degli infetti e dei rimossi con quelle  $I_k$  e  $R_K$  fino a che le due curve si assomigliano.

## Serie di dati

Si considerano nel seguito la serie di dati che va dal **24 febbraio 2020 al 27 marzo 2020**.

## Valori calibrati

## Calibrazione Modello II

- ▶  $N = 150000$  ; questo valore pare ragionevole alla luce del fatto che sono stati fatti circa 150000 tamponi al 27 marzo 2020. Tale valore non viene mai cambiato;
- ▶  $I_0 = 350$ ; valore calibrato; sembra ragionevole pensare che alla data del 24 febbraio 2020 (primo dato disponibile) il numero di infetti fosse leggermente più alto di quello rilevato (221);
- ▶  $\beta = 0.23/N$  (**0.23 sarebbe il fattore  $Rt$** ); si può scrivere  $\beta = b/N = \kappa\tau/N$ , dove  $\kappa$  rappresenta il numero di contatti di ciascun infetto per unità di tempo (indipendente da  $N$ ), e  $\tau$  è la frazione di contatti che trasmette l'infezione;
- ▶  $\nu = 0.035$  è legato alla probabilità di guarigione, ovvero  $1/\nu = 28.6$  giorni è la durata media della malattia (questo valore pare un po' alto rispetto ai dati dell'epidemia COVID-19 in corso).

## Risultati dopo la calibrazione

