

Come si diffonde un'epidemia nello spazio?

Andrea Pugliese

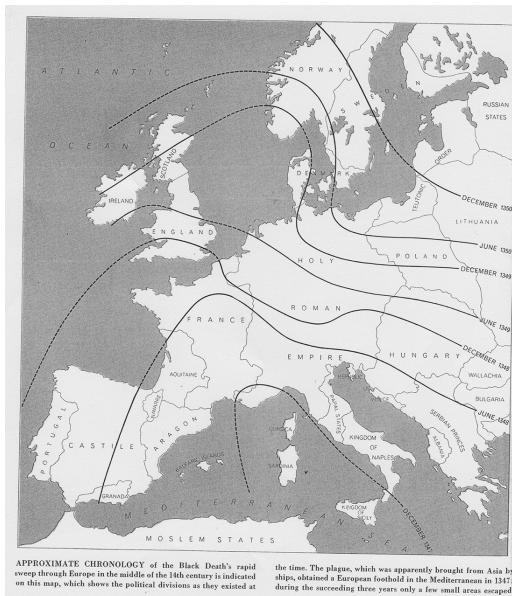
Dip. Matematica

Università di Trento



Lezioni Lincee di Matematica, 4 maggio 2021

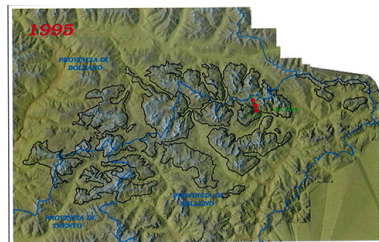
La peste nera del 1347-50



Ricostruzione, sulla base di documenti storici, della diffusione della peste nera in Europa 1347-50.

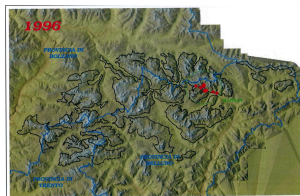
La rogna dei camosci nelle Dolomiti 1995-2000

Alcuni camosci morti per la rogna sarcoptica furono rinvenuti nel 1995 in provincia di Belluno.



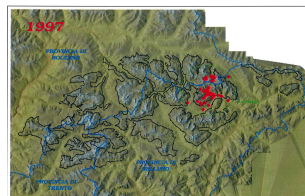
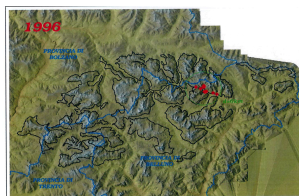
La rogna dei camosci nelle Dolomiti 1995-2000

Alcuni camosci morti per la rogna sarcoptica furono rinvenuti nel 1995 in provincia di Belluno.



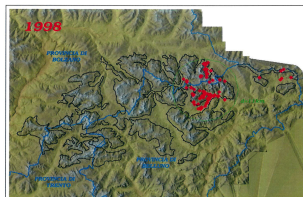
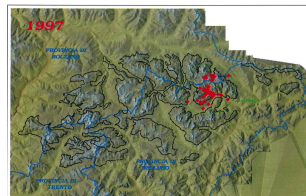
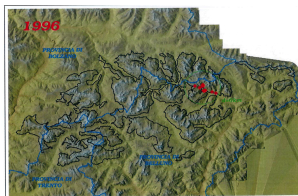
La rogna dei camosci nelle Dolomiti 1995-2000

Alcuni camosci morti per la rogna sarcoptica furono rinvenuti nel 1995 in provincia di Belluno.



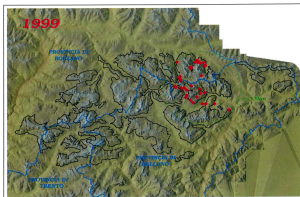
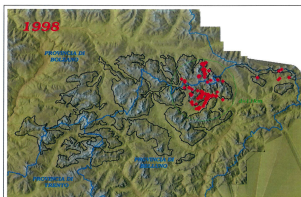
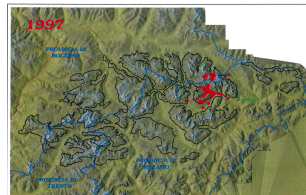
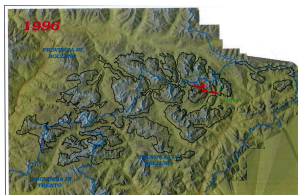
La rogna dei camosci nelle Dolomiti 1995-2000

Alcuni camosci morti per la rogna sarcoptica furono rinvenuti nel 1995 in provincia di Belluno.



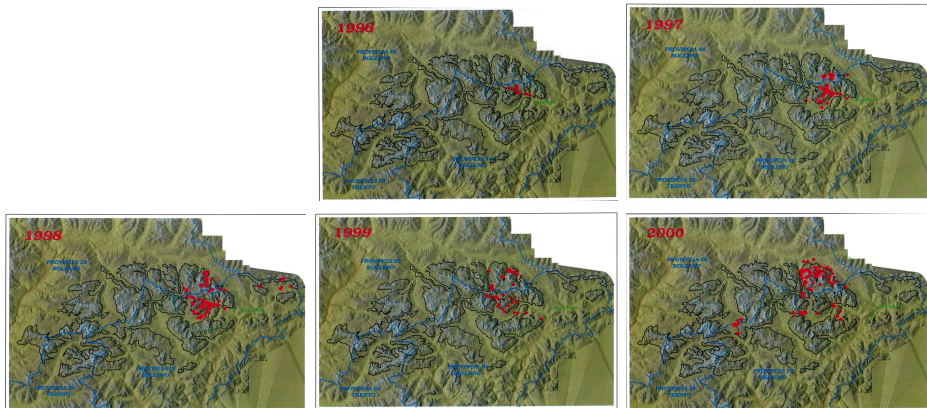
La rogna dei camosci nelle Dolomiti 1995-2000

Alcuni camosci morti per la rogna sarcoptica furono rinvenuti nel 1995 in provincia di Belluno.



La rogna dei camosci nelle Dolomiti 1995-2000

Alcuni camosci morti per la rogna sarcoptica furono rinvenuti nel 1995 in provincia di Belluno.

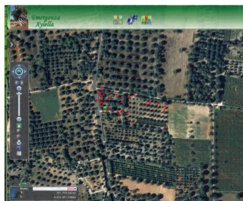


L'epidemia di *Xylella* negli ulivi

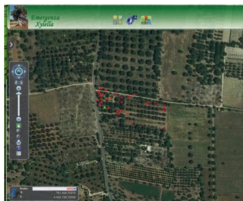
Xylella fastidiosa è un batterio che attacca gli ulivi (e altre piante) disseccandoli e causandone la morte. Viene trasmesso tramite insetti, noti come sputacchine, da un albero a un altro.

L'epidemia di *Xylella* negli ulivi

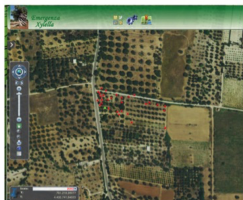
Xylella fastidiosa è un batterio che attacca gli ulivi (e altre piante) disseccandoli e causandone la morte. Viene trasmesso tramite insetti, noti come sputacchine, da un albero a un altro. Foto sull'effetto dell'infezione:



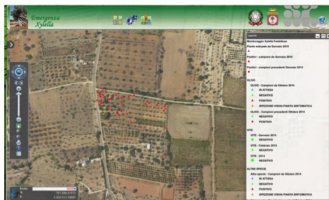
2006



2010

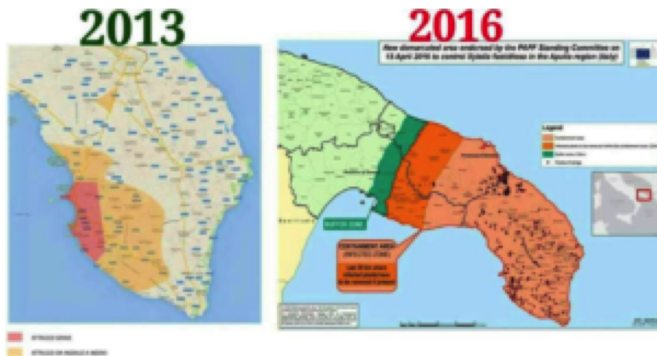


2013



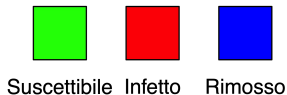
2015

Diffusione della *Xylella* nel Salento



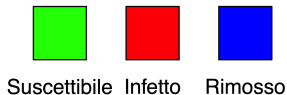
Un modello semplice

Nel piano in ogni pixel c'è un individuo, Suscettibile, Infetto o Rimosso

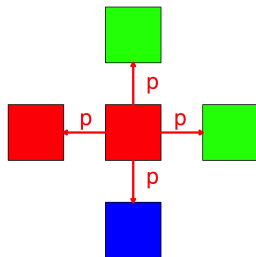


Un modello semplice

Nel piano in ogni pixel c'è un individuo, Suscettibile, Infetto o Rimosso



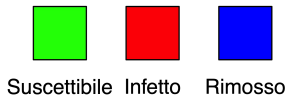
Le regole delle transizioni a ogni passo



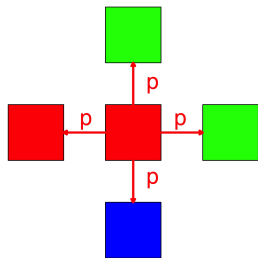
infetta un primo vicino
con probabilità p

Un modello semplice

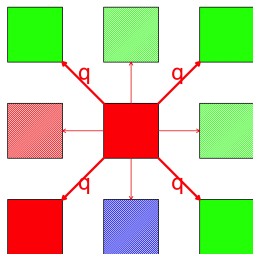
Nel piano in ogni pixel c'è un individuo, Suscettibile, Infetto o Rimosso



Le regole delle transizioni a ogni passo



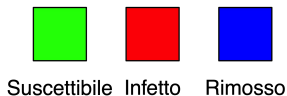
infetta un primo vicino
con probabilità p



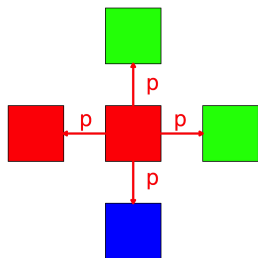
infetta in diagonale
con probabilità q

Un modello semplice

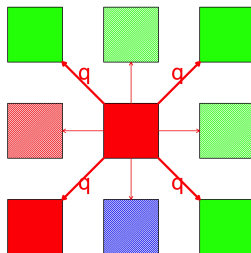
Nel piano in ogni pixel c'è un individuo, Suscettibile, Infetto o Rimosso



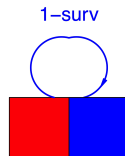
Le regole delle transizioni a ogni passo



infetta un primo vicino
con probabilità p

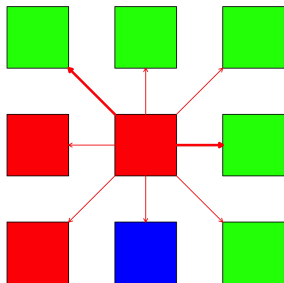


infetta in diagonale
con probabilità q

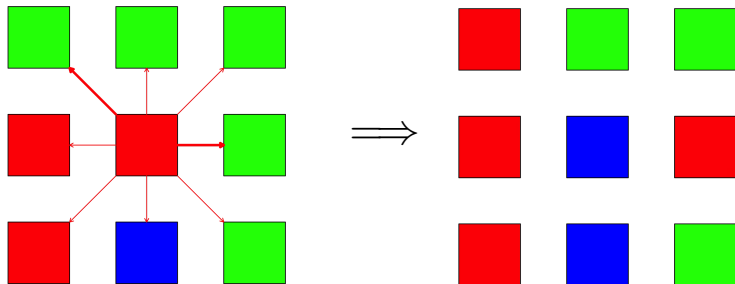


un infetto guarisce
con probabilità $1-\text{surv}$

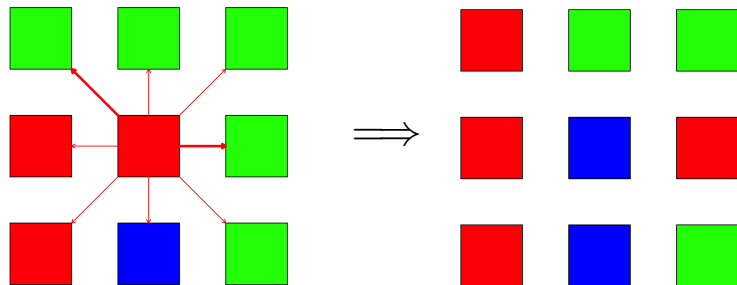
Una possibile transizione



Una possibile transizione



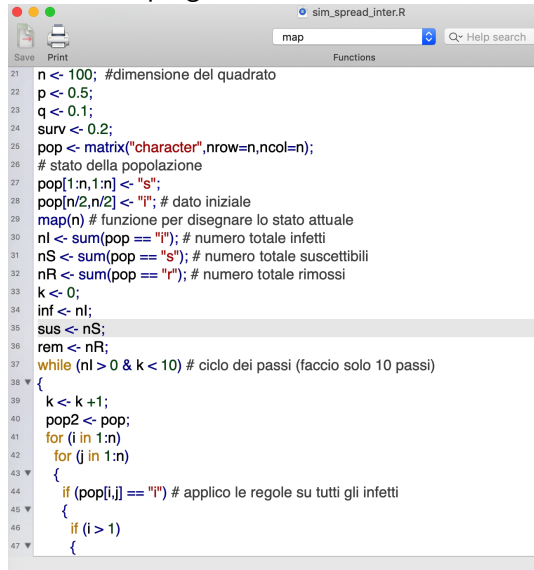
Una possibile transizione



Questa transizione avviene con probabilità $p(1-p)q(1-q)^2(1-\text{surv})$
(senza tenere conto degli altri infetti).

Simulare il modello

Usiamo un programma che ho scritto in un linguaggio che si chiama R



```
21 n <- 100; #dimensione del quadrato
22 p <- 0.5;
23 q <- 0.1;
24 surv <- 0.2;
25 pop <- matrix("character",nrow=n,ncol=n);
26 # stato della popolazione
27 pop[1:n,1:n] <- "s";
28 pop[n/2,n/2] <- "i"; # dato iniziale
29 map(n) # funzione per disegnare lo stato attuale
30 nl <- sum(pop == "i"); # numero totale infetti
31 nS <- sum(pop == "s"); # numero totale suscettibili
32 nR <- sum(pop == "r"); # numero totale rimossi
33 k <- 0;
34 inf <- nl;
35 sus <- nS;
36 rem <- nR;
37 while (nl > 0 & k < 10) # ciclo dei passi (faccio solo 10 passi)
38 {
39   k <- k + 1;
40   pop2 <- pop;
41   for (i in 1:n)
42     for (j in 1:n)
43     {
44       if (pop[i,j] == "i") # applico le regole su tutti gli infetti
45       {
46         if (i > 1)
47         {
```

- Il modello è stocastico; ogni simulazione è diversa dalle altre.

- Il modello è stocastico; ogni simulazione è diversa dalle altre.

Ci sono però delle regolarità:

- Il modello è stocastico; ogni simulazione è diversa dalle altre.

Ci sono però delle regolarità:

- L'epidemia si diffonde in forma (all'incirca) circolare; il raggio cresce a velocità costante.

- Il modello è stocastico; ogni simulazione è diversa dalle altre.

Ci sono però delle regolarità:

- L'epidemia si diffonde in forma (all'incirca) circolare; il raggio cresce a velocità costante.
- Il numero di infetti cresce linearmente (non esponenzialmente).

- Il modello è stocastico; ogni simulazione è diversa dalle altre.

Ci sono però delle regolarità:

- L'epidemia si diffonde in forma (all'incirca) circolare; il raggio cresce a velocità costante.
- Il numero di infetti cresce linearmente (non esponenzialmente).
- A seconda dei valori dei parametri (e delle simulazioni) l'epidemia si può estinguere entro pochi passi.

- Popolazione costante nello spazio con 1 individuo per pixel.

Difetti del modello

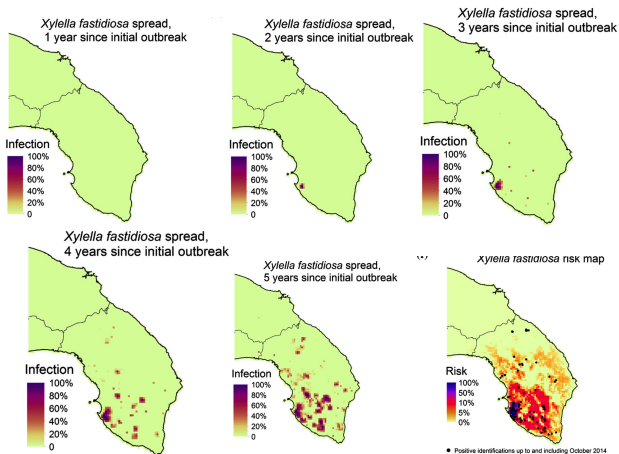
- Popolazione costante nello spazio con 1 individuo per pixel.
- Trasmissione dell'infezione solo a breve distanza.

Difetti del modello

- Popolazione costante nello spazio con 1 individuo per pixel.
- Trasmissione dell'infezione solo a breve distanza.
- Però questi modelli si usano (White *et al.* 2017)

Difetti del modello

- Popolazione costante nello spazio con 1 individuo per pixel.
- Trasmissione dell'infezione solo a breve distanza.
- Però questi modelli si usano (White *et al.* 2017)



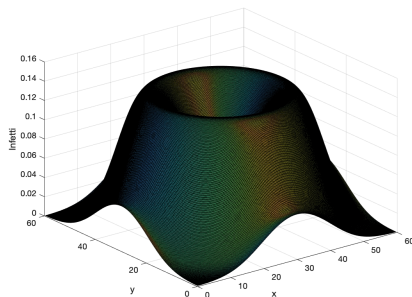
Un modello deterministico continuo

Per potere effettuare l'analisi conviene usare un modello diverso che si formula tramite *equazioni differenziali a derivate parziali*.

Un modello deterministico continuo

Per potere effettuare l'analisi conviene usare un modello diverso che si formula tramite *equazioni differenziali a derivate parziali*.

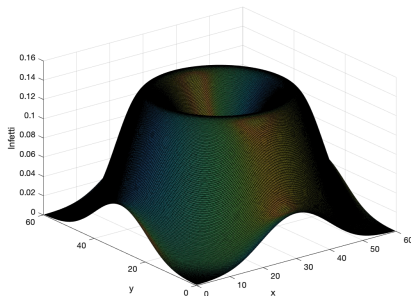
Profilo spaziale degli infetti al tempo t



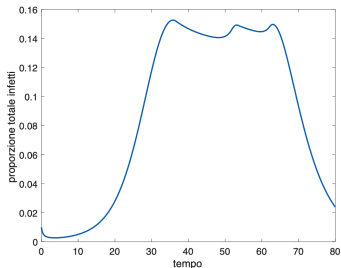
Un modello deterministico continuo

Per potere effettuare l'analisi conviene usare un modello diverso che si formula tramite *equazioni differenziali a derivate parziali*.

Profilo spaziale degli infetti al tempo t



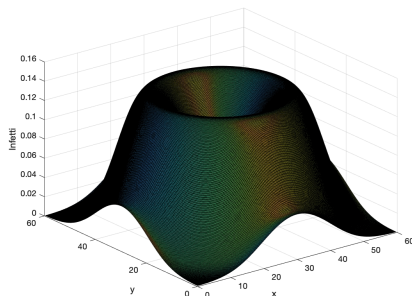
Andamento nel tempo del totale degli infetti



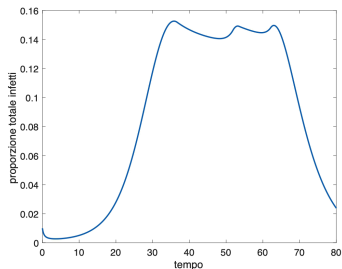
Un modello deterministico continuo

Per potere effettuare l'analisi conviene usare un modello diverso che si formula tramite *equazioni differenziali a derivate parziali*.

Profilo spaziale degli infetti al tempo t



Andamento nel tempo del totale degli infetti



Per questo modello **si può dimostrare rigorosamente che la propagazione dell'epidemia avviene a velocità costante.**

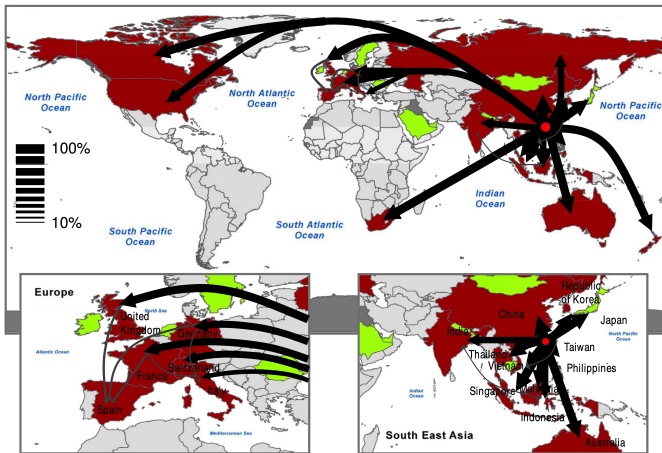
La **diffusione del COVID** è stata **diversa da quella della peste nera**.
Perché?

Modelli basati sui dati degli spostamenti

La **diffusione del COVID** è stata **diversa da quella della peste nera**.
Perché? Come si può modellizzare?

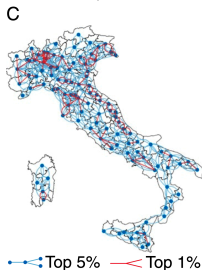
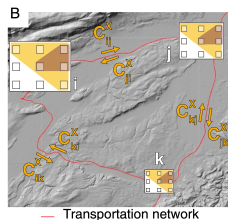
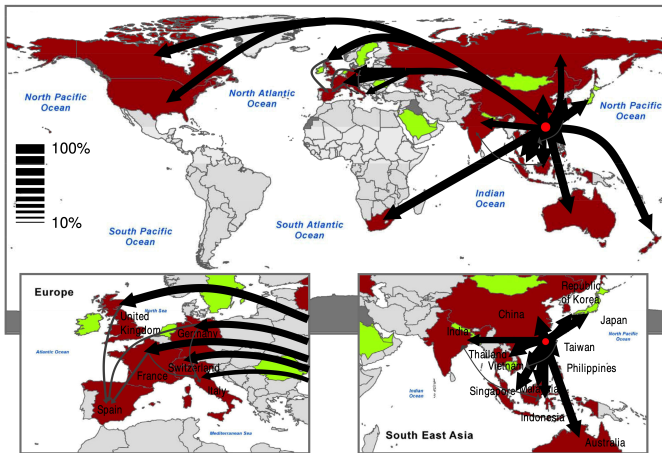
Modelli basati sui dati degli spostamenti

La **diffusione del COVID** è stata **diversa da quella della peste nera**.
Perché? Come si può modellizzare?



Modelli basati sui dati degli spostamenti

La **diffusione del COVID** è stata **diversa da quella della peste nera**.
Perché? Come si può modellizzare?



Grazie per l'attenzione

Domande?

per contatti potete scrivermi a andrea.pugliese@unitn.it