

Esempio

**Modelli compartimentali epidemiologici
per la descrizione della
diffusione delle infezioni**

Modelli compartimentali

Sono modelli matematici sviluppati per descrivere la **diffusione delle malattie infettive**.

Suddividono la popolazione in compartimenti con determinate caratteristiche, come per esempio:

- **S – Suscettibili**, cioè la parte di popolazione predisposta a contrarre l'infezione
- **I – Infettivi**, cioè la parte di popolazione che ha contratto l'infezione e la può trasmettere
- **R – Rimossi**, cioè la parte di popolazione che, dopo aver contratto l'infezione è guarita e non la può più contrarre oppure è deceduta
- Etc...

I modelli compartimentali descrivono la dinamica con cui i singoli transitano da una classe all'altra.

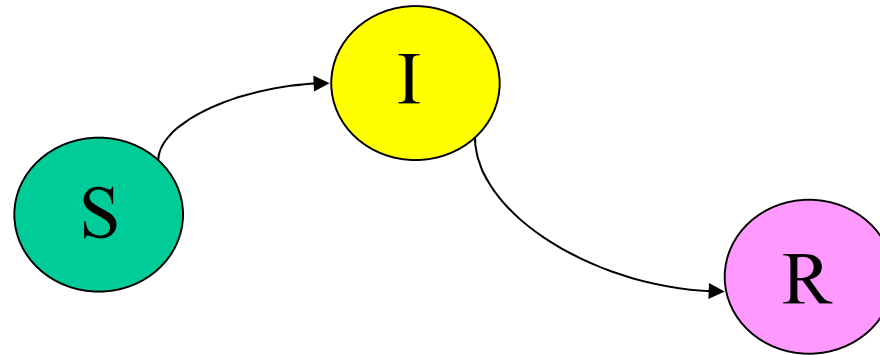
I primi modelli di questo tipo risalgono al 1927

(W.O. Kermack, A.G. McKendrick, *Contributions to the mathematical theory of epidemics*, part 1, Proc. Roy. Soc. London Ser. A, 115 (1927), pp. 700-721).

Nel seguito si presenta la trattazione contenuta in

H.W. Hethcote, *The mathematics of infectious diseases*, SIAM Review, Vol. 42, N. 4 (2000), pp. 599-653.

Un modello compartimentale può essere rappresentato anche mediante **grafi** come, per esempio, il seguente



Questo grafo rappresenta le possibili transizioni da un compartimento all'altro.

Il numero di compartimenti che vengono utilizzati dipende dalla **tipologia di infezione** ed anche dai **dati disponibili**.

Infatti perché questi modelli siano realmente efficaci devono essere opportunamente «tarati» sui dati disponibili.

In generale, i modelli compartimentali sono **modelli deterministici**, cioè non modellizzano la possibile incertezza presente nelle misure o nei fenomeni e sono rappresentati mediante equazioni differenziali.

Il modello SIR

E' probabilmente il più semplice dei modelli compartimentali ed è molto utile per descrivere epidemie che evolvono rapidamente, tipicamente in meno di un anno.

E' basato sulle seguenti tre variabili:

- $S(t)$ è il numero di **suscettibili** al tempo t .
- $I(t)$ è il numero di **infettivi** al tempo t .
- $R(t)$ è il numero di **rimossi** (guariti o deceduti) al tempo t

Se N è la **popolazione totale** è possibile definire:

- $s(t) = \frac{1}{N}S(t)$ è la frazione di **suscettibili** al tempo t .
- $i(t) = \frac{1}{N}I(t)$ è la frazione di **infettivi** al tempo t .
- $r(t) = \frac{1}{N}R(t)$ è la frazione di **rimossi** al tempo t .

Trascurando i nuovi nati ed i deceduti per altre cause (di solito trascurabili in epidemie rapide) si ha che

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

e quindi è necessario calcolare solo due variabili dal momento che la terza si può ricavare da questa relazione.

Sia β il **numero medio di contatti adeguati** (cioè utili alla trasmissione dell'infezione) di una persona nell'unità di tempo.

Si avrà che

$$\frac{\beta I(t)}{N} = \beta i(t)$$

è il **numero medio di contatti adeguati di un suscettibile con gli infettivi** nell'unità di tempo.

Quindi, il **numero di nuovi infettivi** (cioè dei suscettibili che diventano infettivi) nell'unità di tempo sarà

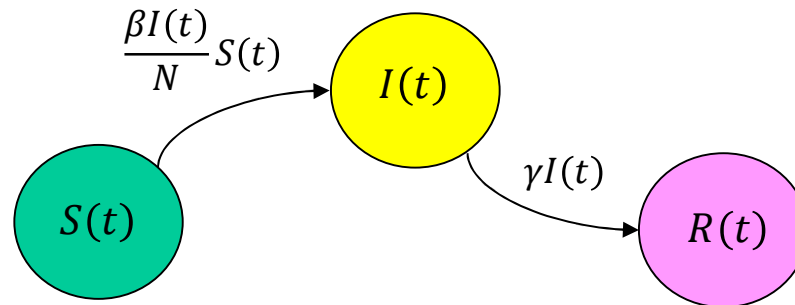
$$\frac{\beta I(t)}{N} S(t) = \beta N s(t) i(t)$$

Questo è il numero di soggetti che «uscirà» dal compartimento S dei Suscettibili per entrare nel compartimento I degli infettivi.

In modo del tutto analogo possiamo definire il **numero di nuovi rimossi** nell'unità di tempo come

$$\gamma I(t)$$

In sostanza, possiamo pensare ai compartimenti come a dei «**serbatoi**» da cui le persone possono entrare od uscire per effetto del loro cambiamento di stato (da Suscettibili a Infettivi e da Infettivi a Guariti).



Possiamo quindi scrivere delle equazioni di bilancio:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = +\frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = +\gamma I(t) \end{cases}$$

Inoltre, dal momento che $S(t) + R(t) + I(t) = N$ perché il modello sia consistente si deve avere

$$\frac{dS(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dR(t)}{dt} = 0$$

come è facilmente verificabile.

Si osservi infine che β e γ hanno la dimensione dell'inverso del tempo.

Osserviamo che dividendo entrambi i membri delle equazioni per N si ottiene:

$$\begin{cases} \frac{1}{N} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \frac{1}{N} \\ \frac{1}{N} \frac{dI(t)}{dt} = +\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \frac{1}{N} - \frac{1}{N} \gamma I(t) \\ \frac{1}{N} \frac{dR(t)}{dt} = +\frac{1}{N} \gamma I(t) \end{cases}$$

da cui

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\beta i(t)s(t) - \gamma i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = +\gamma i(t) \end{cases}$$

Le variabili $i(t)$, $s(t)$, $r(t)$ sono tutte comprese tra 0 ed 1.

Si osservi infine che la terza equazione può essere omessa perché la sua dinamica è disaccoppiata dalla dinamica delle altre due variabili ed essa può essere ricavata note che siano le altre due variabili dall'espressione $r(t) = 1 - s(t) - i(t)$.

Quindi, infine, volendo, si può indicare

$$\begin{aligned}x_1(t) &\equiv s(t) \\x_2(t) &\equiv i(t) \\y(t) &\equiv r(t)\end{aligned}$$

e si ottiene

$$\begin{cases} \dot{x}_1(t) = -\beta x_1(t)x_2(t) \\ \dot{x}_2(t) = -\gamma x_2(t) + \beta x_1(t)x_2(t) \\ y(t) = 1 - x_1(t) - x_2(t) \end{cases}$$

È un sistema non lineare, tempo invariante (se β e γ non dipendono dal tempo), del secondo ordine, autonomo (senza ingresso).

I modelli compartimentali sono caratterizzati dalla definizione di alcuni parametri tipici.

1) R_0 , detto «**basic reproduction number**», definito come il *numero medio di soggetti infettivi prodotto da un singolo infettivo introdotto in una popolazione completamente suscettibile*. Esso è definito solo all'inizio dell'infezione.

2) R è il «**replacement number**», che è il *numero medio di soggetti infettivi prodotto da ciascun infettivo in un momento qualunque dell'infezione*.

3) σ è il «**contact number**», definito come il *numero medio di contatti adeguati di un infettivo in un momento qualunque dell'infezione*.

Nota bene 1

In generale, $R = R(t)$. Infatti, durante l'infezione il numero di suscettibili diminuisce e quindi non tutti i contatti adeguati producono nuovi infettivi.

Si ha quindi che, in generale, $R(t) \leq R_0$.

Nota bene 2

Nonostante si possa pensare che σ dipenda dalla dimensione della popolazione suscettibile (e quindi vari con il tempo), in generale ciò non è vero e quindi in molti modelli si suppone che sia costante.

Nota bene 3

All'inizio dell'infezione si ha che $R(0) = \sigma s(0)$. Se $s(0) = 1$, cioè la popolazione iniziale è completamente suscettibile, allora $R(0) = \sigma$. Ma se la popolazione iniziale è completamente suscettibile, allora $R(0) = R_0$. Quindi, all'inizio di un'infezione in una popolazione completamente suscettibile si ha

$$R(0) = R_0 = \sigma$$

Nel modello SIR, si ha che

$$\sigma = \frac{\beta}{\gamma}$$

cioè il numero medio di contatti adeguati di un infettivo durante l'infezione (σ) si ottiene moltiplicando il numero medio di contatti adeguati di un infettivo nell'unità di tempo (β) per il tempo medio per cui si rimane infettivi (γ^{-1}).

Se ipotizziamo che la popolazione iniziale fosse completamente suscettibile si ha che $\sigma = R_0$ e quindi

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

Per meglio comprendere l'importanza del parametro R_0 consideriamo le equazioni di bilancio dei tre compartimenti

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\beta i(t)s(t) - \gamma i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = +\gamma i(t) \end{cases}$$

Dividendo la prima per la terza si ha

$$\frac{ds}{dr} = \frac{-\beta i(t)s(t)}{\gamma i(t)} = -R_0 s(t)$$

Si ha quindi

$$\frac{ds}{s} = -R_0 dr$$

Integrando

$$[\ln(s)]_{s(0)}^{s(t)} = -R_0(r(t) - r(0))$$

da cui si ha

$$\ln \frac{s(t)}{s(0)} = -R_0(r(t) - r(0))$$

$$s(t) = s(0)e^{-R_0(r(t)-r(0))}$$

In una popolazione inizialmente completamente suscettibile $s(0) = 1$ e $r(0) = 0$ e quindi si ha

$$s(t) = e^{-R_0 r(t)}$$

Tanto maggiore è R_0 , tanto più rapidamente si diffonde l'infezione (i suscettibili diminuiscono, cioè si infettano, gli infettivi aumentano ed i rimossi continuano ad aumentare).

Infine, si consideri la seconda equazione e moltiplichiamo e dividiamo per γ il primo addendo a sinistra

$$\frac{di(t)}{dt} = \frac{\beta}{\gamma} \gamma i(t) s(t) - \gamma i(t) = (R_0 s(t) - 1) \gamma i(t)$$

Si ha che

$$\left. \frac{di(t)}{dt} \right|_{t=0} = (R_0 s(0) - 1) \gamma i(0)$$

La derivata iniziale degli infetti è quindi positiva se $R_0 s(0) - 1 > 0$, cioè se $R_0 > \frac{1}{s(0)}$, mentre è negativa se $R_0 s(0) - 1 < 0$, cioè se $R_0 < \frac{1}{s(0)}$.

Se la popolazione è inizialmente completamente suscettibile, la soglia è data dal valore $R_0 = 1$.

Esempio – Simulazione modello SIR

Si può usare il comando **ode45**

ode45 Solve non-stiff differential equations, medium order method.
[TOUT,YOUT] = ode45(ODEFUN,TSPAN,Y0) with TSPAN = [T0 TFINAL] integrates the system of differential equations $y' = f(t,y)$ from time T0 to TFINAL with initial conditions Y0.

Bisogna creare una Matlab function che calcoli le derivate prime delle incognite.

```
function dydt = sir(t,y,pars)
```

```
B=pars(1);
```

```
g=pars(2);
```

```
dydt = zeros(2,1);
```

```
dydt(1) = -B*y(1)*y(2);
```

```
dydt(2) = B*y(1)*y(2)-g*y(2);
```

```
end
```

Quindi si possono definire i parametri

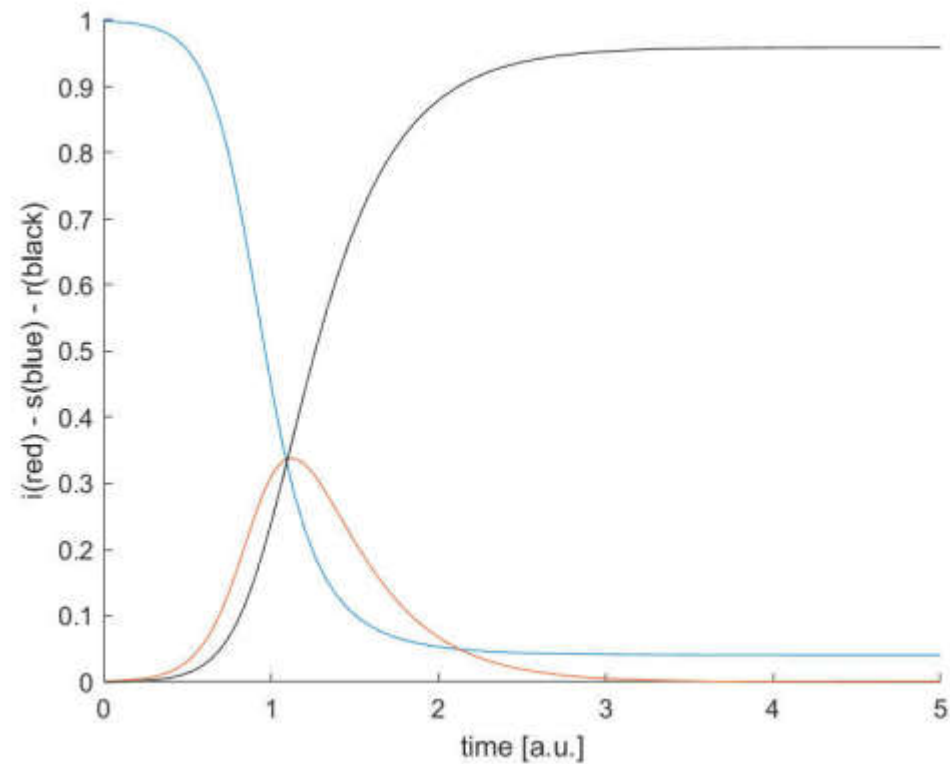
```
tspan=[0 5];  
y0=[0.999 0.001]';  
pars(1)=10;  
pars(2)=3;
```

Lanciare il comando che risolve l'equazione differenziale

```
[t,y] = ode45(@(t,y) sir(t,y,pars), tspan, y0);
```

Disegnare il risultato

```
figure; hold on;  
plot(t,y);  
plot(t,1-y(:,1)-y(:,2),'k');
```



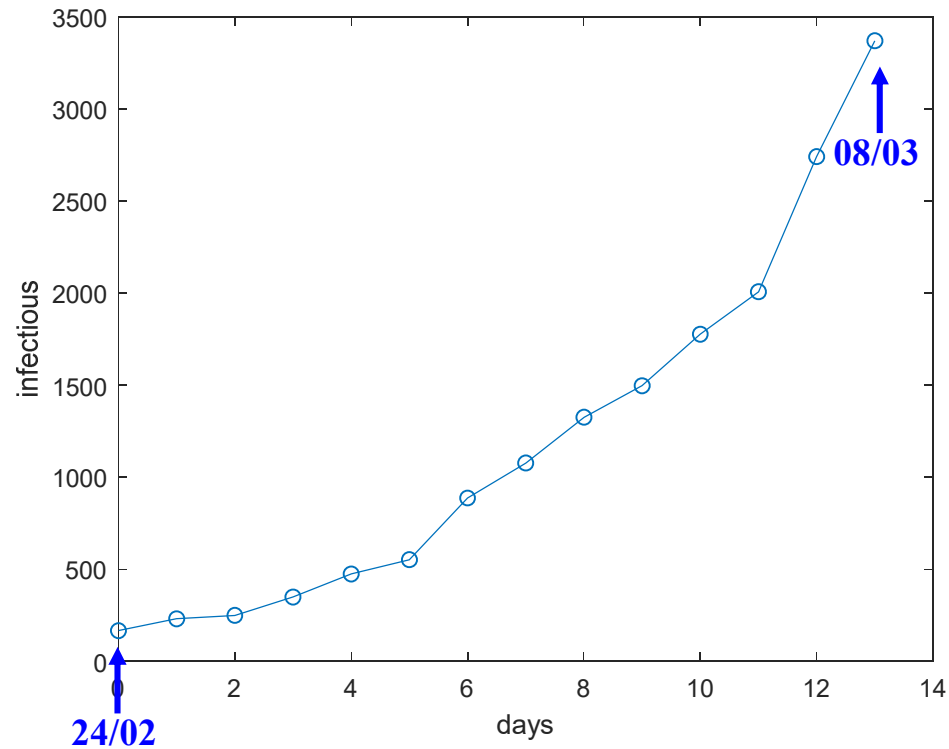
Esempio – Taratura dei parametri di un modello SIR

Applichiamo il modello SIR ai dati relativi al virus **Sars-CoV-2**.

Consideriamo i dati relativi alla **Lombardia** che sono disponibili **dal 24 febbraio 2020** (data da cui il Dipartimento della Protezione Civile ha reso disponibili i dati).

Consideriamo i dati relativi ai «positivi correnti», usandoli come rappresentativi degli **infettivi**.

Consideriamo i dati fino all'**8 marzo successivo**, data di inizio del lockdown.



Per effettuare la stima dei parametri sarebbe più semplice passare a tempo discreto ma, a scopo didattico, vediamo come si può effettuare la stima dei parametri di un modello a tempo continuo.

Si può utilizzare la funzione

fminsearch Multidimensional unconstrained nonlinear minimization (Nelder-Mead).

`X = fminsearch(FUN,X0)` starts at `X0` and attempts to find a local minimizer `X` of the function `FUN`. `FUN` is a function handle. `FUN` accepts input `X` and returns a scalar function value `F` evaluated at `X`. `X0` can be a scalar, vector or matrix.

In particolare, la funzione costo da minimizzare è la seguente, che utilizza la funzione **sir** che integra le equazioni differenziali del modello SIR.

```
function F=sirtest(X,dati,...)

    [T,yhat] = ode45(@(t,y) sir(t,y,X), [0:T_fin-1], [1-dati(1);dati(1)]);

    F=norm(dati-yhat(:,2));

end
```

La chiamata della funzione di minimizzazione è molto semplice.

```
X=fminsearch(@sirtest,X0,...)
```

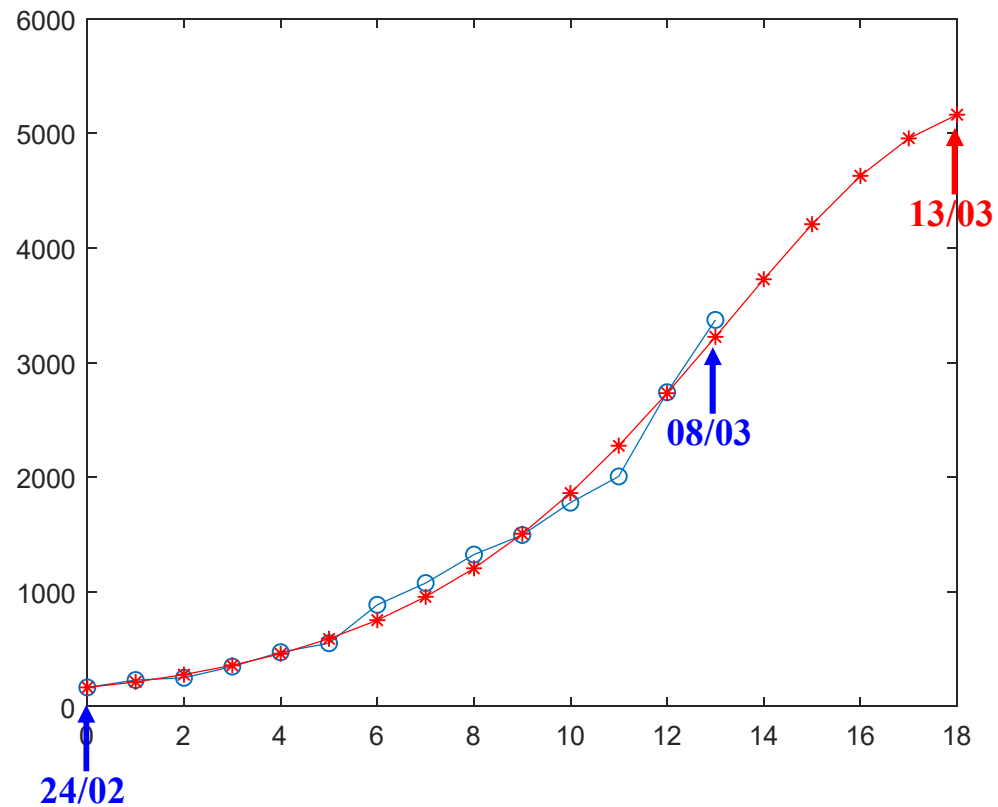
Il risultato è ragionevolmente accurato anche se con modesto potere predittivo (ma bisogna anche tenere conto della semplicità del modello).

I parametri stimati sono

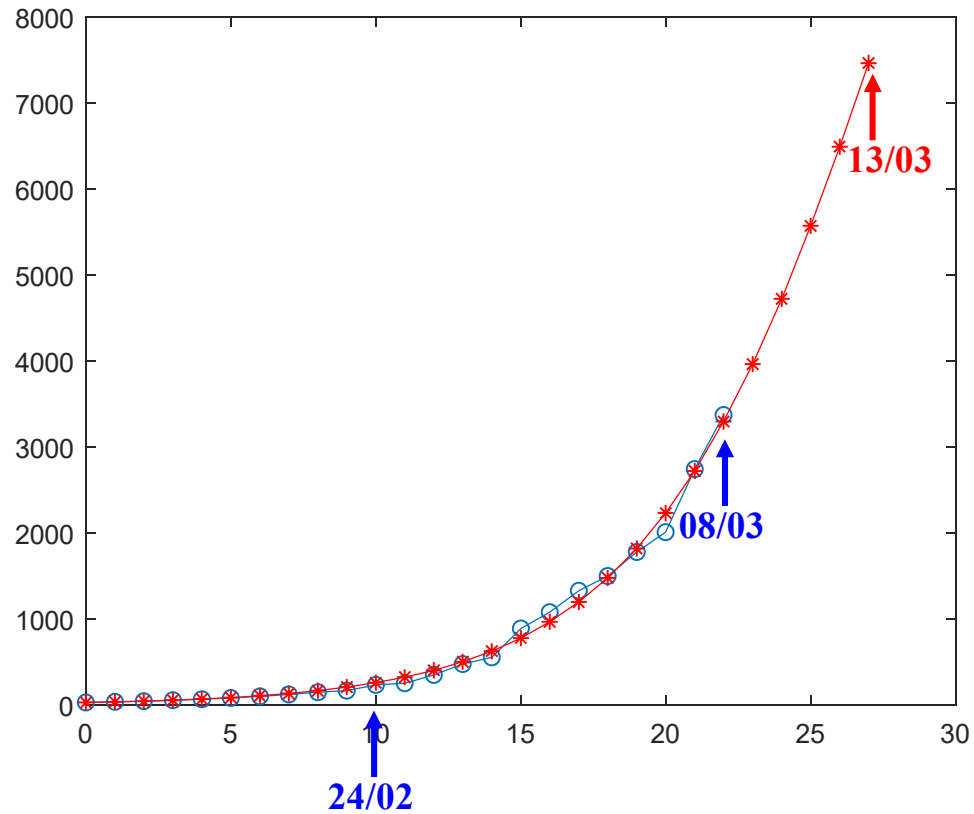
$$\beta = 0.86, \gamma = 0.60$$

con

$$R_0 \cong 1.43$$



Per migliorare il potere predittivo del modello si può estendere il suo orizzonte mediante tecniche di data augmentation.



I parametri stimati sono

$$\beta = 0.50, \gamma = 0.27$$

con

$$R_0 \cong 1.85$$

Per la cronaca il 13 marzo 2020 si registravano 7732 casi e la predizione del modello è 7466

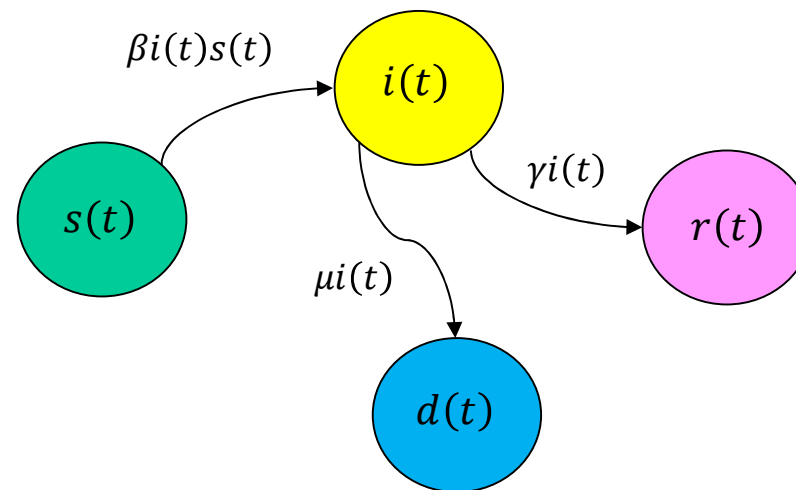
Estensioni del modello SIR

Incrementando il numero dei compartimenti è possibile ottenere modelli con elevato potere descrittivo (ma anche elevata complessità!).

Un primo esempio è il **modello SIRD**. In esso il compartimento «R=Removed» viene suddiviso in due ulteriori compartimenti: «R=Recovered» cioè guariti e «D=Deceased» cioè deceduti.

Le sue equazioni sono una semplice estensione del precedente modello

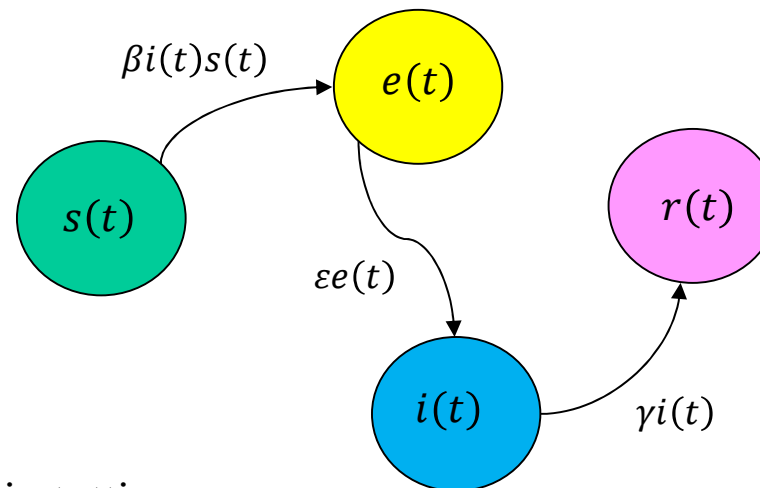
$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\beta i(t)s(t) - \gamma i(t) - \mu i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = +\gamma i(t) \\ \frac{dd(t)}{dt} = +\mu i(t) \end{array} \right.$$



Un altro esempio è il **modello SEIR**. In esso viene aggiunto il compartimento «E=Exposed» che rappresenta gli infettati non ancora infettivi. Questo modello è utilizzato nelle infezioni in cui vi è un lungo tempo di incubazione in cui il virus non può essere trasmesso.

Le sue equazioni sono una semplice estensione del precedente modello

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{de(t)}{dt} = +\beta i(t)s(t) - \varepsilon e(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\varepsilon e(t) - \gamma i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = +\gamma i(t) \end{cases}$$

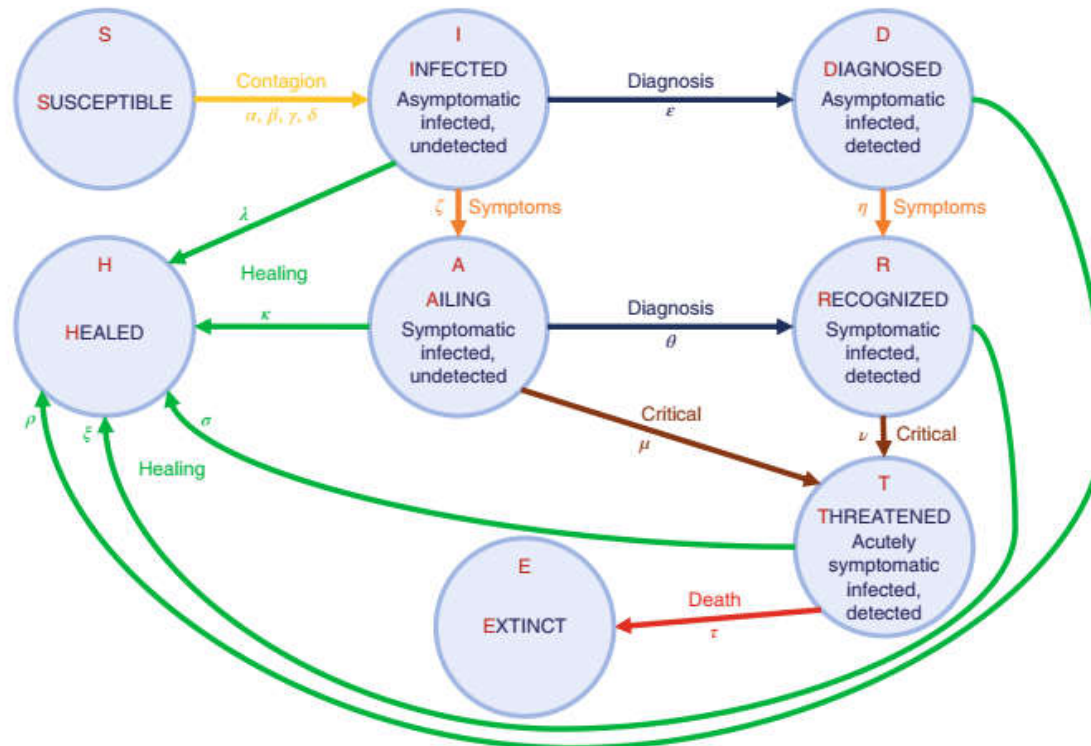


Si noti che, anche in questo modello, come in tutti gli altri, la somma delle derivate delle variabili è nulla.

Il modello SEIR può essere facilmente generalizzato al **modello SEIRD** aggiungendo il compartimento relativo ai Deceduti.

Un modello particolarmente complesso e sviluppato proprio per modellare le specifiche caratteristiche del virus Sars-CoV-2 è il **modello SIDARTHE** (G. Giordano et al., *Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy*, Nature Medicine, 2020).

In questo modello il compartimento degli infetti è suddiviso in 4 compartimenti distinguendo i soggetti asintomatici da quelli che manifestano sintomi e quelli diagnosticati da quelli non diagnosticati (tampone si/no). Inoltre è stato aggiunto il compartimento dei «malati gravi», quelli ricoverati in terapia intensiva.



Come si controlla un'epidemia?

I modelli precedenti non hanno una variabile di ingresso, un'azione di controllo su cui agire per contenere il contagio.

Eppure è noto che, per esempio, le misure di distanziamento sociale hanno effetto sull'evoluzione di un contagio.

Come posso modellare l'azione di controllo in questi sistemi dinamici?

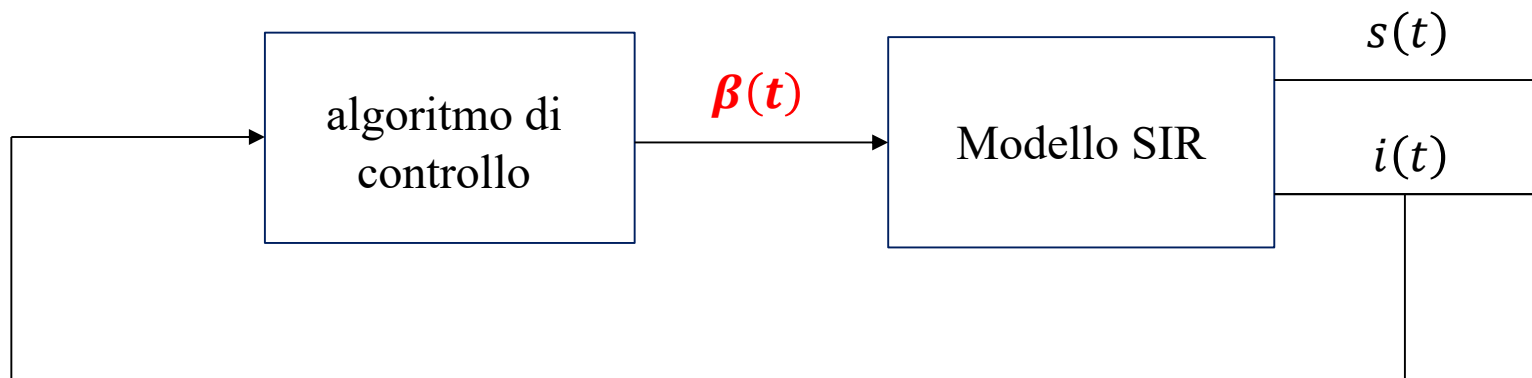
Le azioni di contenimento hanno un effetto sui parametri del modello ed in particolare sul parametro β : se diminuisco le occasioni di incontro tra le persone, diminuisco il numero medio di contatti adeguati.

Possiamo quindi supporre che, se $\mathbf{u}(t)$ sono le azioni (di controllo) intraprese per limitare il contagio, l'obiettivo di controllo sia fare in modo che $\beta = \beta(\mathbf{u}(t))$ diminuisca. Se diminuisce β diminuisce $R(t)$ che è il parametro primario per la valutazione della diffusione dell'epidemia.

L'idea è che il sistema di controllo del diffondersi di un epidemia abbia il parametro $\beta = \beta(\mathbf{u}(t))$ come azione di controllo e che essa vada decisa sulla base delle misure relative al diffondersi dell'infezione (per esempio il numero di infettivi o il numero di decessi).

Quindi, per esempio, considerando un modello SIR

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta(t)i(t)s(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\beta(t)i(t)s(t) - \gamma i(t) \end{cases}$$

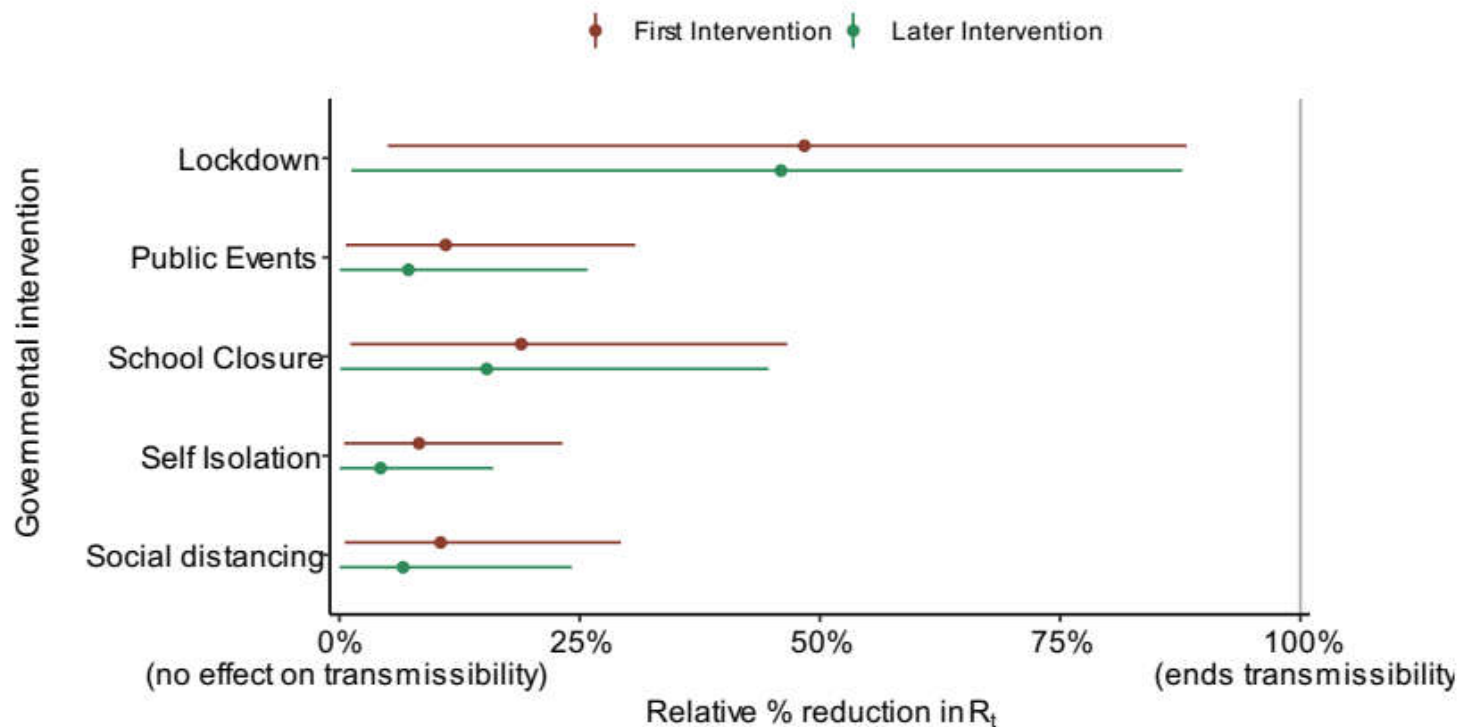


Se l'efficacia di alcune misure di restrizione dei contatti tra la popolazione è fuori discussione, c'è molta **incertezza sulla quantificazione dell'efficacia** delle misure.

Per esempio in

S. Flaxman et al., “*Estimating the number of infections and the impact of non-pharmaceutical interventions on COVID-19 in 11 European countries*”, Imperial College London, Tech. Rep. 13, 2020

sono stimati i seguenti valori per diverse tipologie di intervento (il pallino è la stima, il segmento è l'intervallo di confidenza al 95%).



Una breve analisi delle proprietà del sistema

*Is feedback control feasible
at all in such a system?*

Nel seguito seguiremo la trattazione di

F. Casella, "Can the COVID-19 epidemic be controlled on the basis of daily test reports?" arXiv:2003.06967

In questo lavoro è presentata un'analisi, basata sugli strumenti tipici dell'automatistica, di un modello compartimentale con applicazione alla diffusione in Italia del virus Sars-CoV-2.

Si utilizza un modello SEIR, che prevede 4 compartimenti:

- S : suscettibili
- E : **esposti**, cioè gli infetti non infettivi (periodo di incubazione)
- I : infettivi
- R : rimossi

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{de(t)}{dt} = +\beta i(t)s(t) - \varepsilon e(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\varepsilon e(t) - \gamma i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = +\gamma i(t) \end{cases}$$

Il parametro ε può essere interpretato come l'**inverso del tempo medio di incubazione** e similmente il parametro γ può essere interpretato come l'**inverso del tempo medio per cui un infettivo è in grado di trasmettere l'infezione**.

Se questo modello viene utilizzato per modellare i primi giorni di una pandemia, si ha che

$$e(t) + i(t) + r(t) \ll s(t)$$

cioè il numero di suscettibili rimane comunque molto più elevato di tutte le altre variabili.

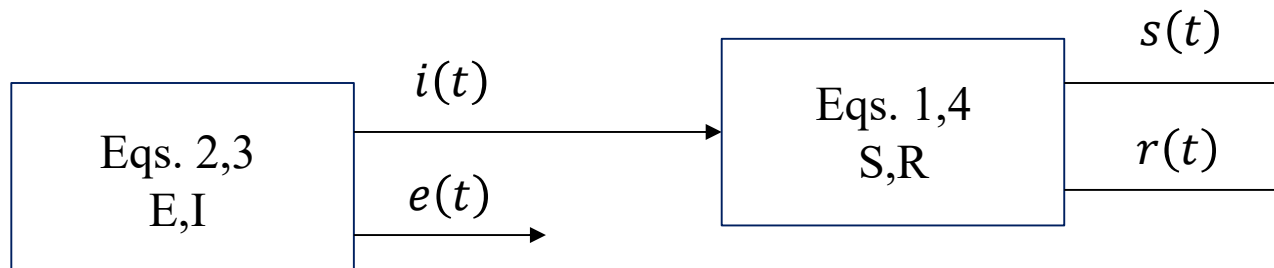
Quindi nella seconda equazione si può approssimare $S(t) \cong N$, cioè $s(t) \cong 1$.

Il modello risulta così descritto dalle seguenti equazioni

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{de(t)}{dt} = +\beta i(t)s(t) - \varepsilon e(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\varepsilon e(t) - \gamma i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = +\gamma i(t) \end{cases}$$

Si noti che in esso **la seconda e la terza equazione sono disaccoppiate dalle altre due**, cioè: note le condizioni iniziali $e(0) = e_0$ ed $i(0) = i_0$ è possibile integrare queste due equazioni ottenendo $i(t)$ ed $e(t)$ per $t \geq 0$. Quindi, inserendo $i(t)$ nella prima e nella quarta si ottiene anche l'andamento delle altre due variabili.

Il modello si può schematizzare quindi come segue



Possiamo quindi studiare le due equazioni che descrivono la dinamica di infettivi ed esposti

$$\begin{cases} \frac{de(t)}{dt} = +\beta i(t) - \varepsilon e(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\varepsilon e(t) - \gamma i(t) \end{cases}$$

Rinominando le variabili $x_1(t) \equiv e(t)$ ed $x_2(t) \equiv i(t)$ si ha

$$\begin{cases} \dot{x}_1(t) = -\varepsilon x_1(t) + \beta x_2(t) \\ \dot{x}_2(t) = +\varepsilon x_1(t) - \gamma x_2(t) \end{cases}$$

Sono le equazioni di stato di un sistema LTI del secondo ordine, autonomo.

Le equazioni di stato si possono anche scrivere

$$\dot{\mathbf{x}}(t) = A\mathbf{x}(t)$$

dove $\mathbf{x}(t) = \begin{bmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \end{bmatrix} \equiv \begin{bmatrix} e(t) \\ i(t) \end{bmatrix}$ con $A = \begin{bmatrix} -\varepsilon & \beta \\ \varepsilon & -\gamma \end{bmatrix}$.

Di questo sistema possiamo studiare la stabilità calcolando gli autovalori della matrice A .

$$\begin{aligned} \varphi(s) = \det(sI - A) &= \det \begin{bmatrix} s + \varepsilon & -\beta \\ -\varepsilon & s + \gamma \end{bmatrix} = (s + \varepsilon)(s + \gamma) - \varepsilon\beta = \\ &= s^2 + (\varepsilon + \gamma)s + \varepsilon(\gamma - \beta) \end{aligned}$$

Se $\beta > \gamma$ il polinomio caratteristico ha un autovalore reale negativo ed un **autovalore reale positivo** (si osservi che ha coefficienti discordi e non nulli) e quindi **il sistema è instabile**.

Se $\beta < \gamma$ il polinomio caratteristico ha due autovalori a parte reale negativa (si osservi che ha coefficienti concordi e non nulli) e quindi il sistema è **asintoticamente stabile**.

Ricordando che $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ si può quindi concludere che **per $R_0 > 1$ il sistema è instabile** e quindi il suo movimento libero diverge, cioè l'infezione si propaga senza limiti.

Come detto precedentemente, gli interventi sociali di contenimento sono azioni di controllo $\mathbf{u}(t)$ che agiscono sul parametro β ed in particolare si ha

$$\beta = \beta(\mathbf{u}(t))$$

Inoltre, il nostro «sensore» sono i **tamponi effettuati e documentati** che, di norma, vengono effettuati ad un numero ridotto di pazienti.

Bisogna inoltre considerare il **ritardo τ_1** che indica **il tempo medio trascorso tra il momento in cui un soggetto diventa infettivo ed il momento in cui viene effettuato il tampone.**

Indicando con $\mathbf{i}_T(t)$ i **soggetti infettivi a cui è stato effettuato il tampone** («testati») possiamo supporre che

$$\mathbf{i}_T(t) = \alpha \mathbf{i}(t - \tau_1)$$

dove α è un parametro costante che indica la frazione degli infetti che viene testata.

La nostra **variabile d'uscita**, la vera misura di questo sistema, sono i **casi infettivi testati e documentati $\mathbf{i}_R(t)$** . Bisogna tenere conto di un ulteriore ritardo, il **ritardo τ_2** che indica **il tempo medio trascorso tra il momento in cui viene effettuato il tampone ed il momento in cui viene comunicato l'esito** e quindi si possono applicare all'infettivo le opportune misure di quarantena. Si ha quindi

$$\mathbf{i}_R(t) = \mathbf{i}_T(t - \tau_2) = \alpha \mathbf{i}(t - \tau_1 - \tau_2)$$

Il modello complessivo per il controllo è quindi il seguente

$$\begin{cases} \frac{de(t)}{dt} = +\beta(u(t))i(t) - \varepsilon e(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = +\varepsilon e(t) - \gamma i(t) \\ i_R(t) = \alpha i(t - \tau_m) \end{cases}$$

dove $\tau_m = \tau_1 + \tau_2$ è il **ritardo di misura**.

L'obiettivo di controllo è quindi scegliere le opportune misure di contenimento che diminuiscono β fino a rendere asintoticamente stabile il sistema nonostante il ritardo nella misura.

Politiche di contenimento: la strategia della paura.

Supponiamo che le azioni di contenimento del contagio vengano messe in atto solo dopo che il numero di contagiati testati e documentati abbia superato una certa **soglia di allarme** \bar{i}_R .

Si ha quindi che

$$u(t) = \begin{cases} 0 & \text{se } i_R(t) < \bar{i}_R \\ \bar{u} & \text{se } i_R(t) \geq \bar{i}_R \end{cases}$$

Si supponga che le **misure di contenimento siano istantaneamente efficaci**, cioè: detto $t_{\bar{u}}$ l'istante di tempo per cui $i_R(t_{\bar{u}}) = \bar{i}_R$, si abbia immediatamente

$$\beta(\bar{u}) - \gamma < 0$$

cioè il sistema diventa asintoticamente stabile e il numero di infettivi comincia a diminuire.

Il problema è che $i_R(t)$ è **una misura ritardata del numero vero di infettivi** $i(t)$ e quindi al tempo $t_{\bar{u}}$ il vero numero di infettivi sarà $i(t_{\bar{u}}) > \bar{i}_R$.

Cerchiamo ora di valutare qual è l'entità dell'errore

$$\Delta\% = 100 \frac{\frac{1}{\alpha} i_R(t_{\bar{u}}) - i(t_{\bar{u}})}{i(t_{\bar{u}})}$$

Durante la fase iniziale della pandemia il numero di infettivi ha un andamento del tipo

$$i(t) \cong i(0)e^{p_1 t}$$

dove $p_1 > 0$ è il polo positivo del sistema.

Quindi

$$\Delta\% = 100 \frac{\frac{1}{\alpha} \bar{i}_R - i(0)e^{p_1 t_{\bar{u}}}}{i(0)e^{p_1 t_{\bar{u}}}}$$

Dal momento che $i_R(t) = \alpha i(t - \tau_m)$ si ha che

$$i_R(t_{\bar{u}}) = \bar{i}_R = \alpha i(t_{\bar{u}} - \tau_m) = \alpha i(0)e^{p_1(t_{\bar{u}} - \tau_m)}$$

Quindi

$$\Delta\% = 100 \frac{i(0)e^{p_1(t_{\bar{u}} - \tau_m)} - i(0)e^{p_1 t_{\bar{u}}}}{i(0)e^{p_1 t_{\bar{u}}}} = 100(e^{-p_1 \tau_m} - 1)$$

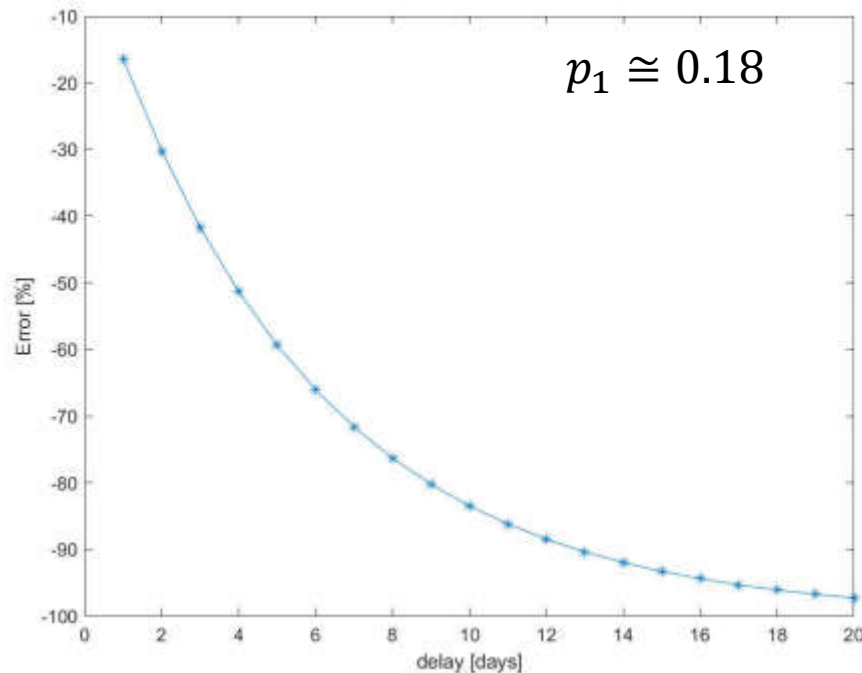
Quindi

$$\Delta\% = 100(e^{-p_1\tau_m} - 1)$$

Questo valore ci dice **di quanto sottostimiamo percentualmente il numero di infettivi**.

Come si nota esso dipende solo:

- dal **valore del polo reale positivo** (che all'inizio della pandemia è strettamente legato al valore di R_0).
- dal **valore del ritardo τ_m** con cui diagnostico e documento gli infettivi.



Quindi perché le politiche di contenimento siano realmente efficaci è necessario abbattere il ritardo τ_m .

Inoltre bisogna considerare anche l'incertezza sul valore di α .