

Alma Mater Studiorum – Università di Bologna

SCUOLA DI SCIENZE

Corso di Laurea in Informatica Magistrale Curriculum A – Tecniche del
software

**Confronto tra modelli di regressione lineare, Poisson,
Binomiale negativa per il conteggio di decessi da
COVID-19 in Italia in era Omicron/post-Omicron**

Presentato da:

Andrea Morabito

Relatore:

Marco Roccetti

Sessione III

Anno Accademico 2024/2025

Abstract

Il presente studio esamina criticamente l'applicazione di tre modelli di regressione — lineare, di Poisson e binomiale negativa — ai dati settimanali di mortalità da COVID-19 in Italia durante le fasi Omicron e post-Omicron (novembre 2021 – gennaio 2025), con l'obiettivo di comprendere quanto l'accuratezza predittiva dipenda realmente dalla scelta del modello rispetto alla struttura temporale dei dati. Pur riconoscendo i limiti intrinseci dei modelli lineari nell'analisi di dati di conteggio non normali e sovradispersi a favore dei GLM, i risultati di questa tesi mostrano che il fattore determinante nell'ottenere previsioni affidabili non è la complessità statistica del modello, bensì la *calibrazione epidemiologica* della finestra temporale utilizzata.

Attraverso un confronto sistematico di tre scenari temporali — stagionali (calibrati), mensili e annuali (non calibrati) — l'analisi evidenzia un pattern denominato “fenomeno dell'errore 1%–10%–100%”. Questo pattern mostra come i modelli producano errori minimi (~1–1,5%) solo entro intervalli temporalmente significativi, mentre le prestazioni degradano rapidamente (~10% su base mensile) o crollano completamente (fino al 100% su base annuale) quando la segmentazione non riflette l'andamento epidemiologico pur applicando modelli teoricamente appropriati come Poisson o Binomiale Negativa.

Il contributo originale della tesi consiste nell'aver dimostrato che, sebbene la regressione Binomiale Negativa è il modello più robusto in presenza di sovradispersione, la validità delle previsioni dipende essenzialmente dalla coerenza tra arco temporale e dinamica epidemica indipendentemente dal modello impiegato. Ciò implica che la regressione lineare (considerata inadeguata) può risultare competitiva quanto Poisson o Binomiale Negativa se utilizzata entro finestre correttamente calibrate, mentre nessun modello mantiene affidabilità se applicato “a strascico”.

Il risultato fondamentale è che la calibrazione temporale della finestra analitica ha un impatto sull'accuratezza predittiva di gran lunga superiore alla scelta dello specifico modello statistico. I risultati propongono una rilettura critica della modellazione epidemiologica, sostenendo che la “Intelligenza Temporale”, ovvero la segmentazione informata del periodo analitico, non è un dettaglio metodologico, ma un prerequisito fondamentale per la precisione predittiva.

Summary

Abstract	3
1 - Introduzione	7
1.1 – Contesto epidemiologico	7
1.1.1 - Evoluzione di SARS-CoV-2 (Omicron e sottovarianti) e transizione alla fase post-pandemica	7
1.1.2 - Modelli di sorveglianza epidemiologica: dai dati grezzi alla modellazione predittiva.....	8
1.1.3 - Il ruolo della statistica nell'interpretazione di dinamiche complesse.....	9
1.2 – Motivo e rilevanza dello studio.....	9
1.2.1 - Importanza di modelli generalizzati (GLM) e applicazioni in salute pubblica	10
1.2.2 – Modelli alternativi: dati di conteggio, omoschedasticità/eteroschedasticità	10
1.3 – Obiettivi e Tesi Supportata	13
1.3.1 – Calibrazione temporale come fattore predittivo per la selezione del modello.....	13
1.3.2 – Struttura del lavoro.....	14
2 – Dati e metodologia	16
2.1 – Descrizione del dataset	17
2.1.1 - Fonte dati, intervallo temporale, variabili incluse	17
2.1.2 – Pre-processing: gestione di missing values, outliers, trasformazioni (es.: logaritmica)	18
2.2 – Modelli statistici	22
2.2.1 - Modello lineare: specificazione e limiti.....	22
2.2.2 - Modello di Poisson: adatto per dati di conteggio, ipotesi di equidispersione	23
2.2.3 - Regressione binomiale negativa: estensione per sovradispersione (varianza > media)	24
2.3 – Metriche di confronto	25
2.3.1 - Criteri di selezione del modello: AIC, BIC, test di rapporto di verosimiglianza.....	26
2.3.2 - Bontà di adattamento: Devianza, pseudo-R², analisi dei residui	27
2.3.3 - Capacità predittiva: MAE, Errore Relativo Percentuale.....	29
2.3.4 - Verifica di omoschedasticità (test di Breusch-Pagan, grafici dei residui) e implicazioni....	30
2.4 – Stato dell'Arte	31
2.4.1 – Caso di studio e Confronto critico nella letteratura.....	31
2.4.2 – Il lavoro di Roccetti et al. Come punto di inizio	32
2.4.3 – Perché estendere gli articoli originali? Limiti: da OLS a Poisson.....	34
3 – Risultati e analisi	37
3.1 – Risultati descrittivi preliminari	37
3.1.1 - Andamento temporale dei principali indicatori epidemiologici	37
3.1.2 - Statistiche descrittive e correlazioni tra variabili chiave	38
3.1.3 - Visualizzazioni: distribuzione degli outcome per varianti e sottovarianti di SARS-CoV-2	39
3.2 – Performance dei modelli	41
3.2.1 - Confronto tramite criteri di informazione (AIC, BIC, test di verosimiglianza)	41
3.2.2 - Bontà di adattamento (devianza, pseudo-R², analisi dei residui).....	43

3.2.3 - Validazione predittiva (MAE, Errore Relativo Percentuale)	47
3.3 – Diagnostica dei modelli	49
3.3.1 - Diagnostica e verifica delle assunzioni (sovradispersione, eteroschedasticità)	49
3.3.2 - Risultati dei modelli (lineare classico, Poisson, binomiale negativa)	54
3.4 – Analisi interpretativa dei risultati	55
4 – Conclusioni	59
4.1 – Sintesi dei risultati.....	59
4.1.1 – Primo risultato chiave: il ruolo della stagionalità	59
4.1.2 – Secondo risultato chiave: la marginalità della scelta del modello	60
4.2 – Riflessioni finali.....	61
4.2.1 – Significato epidemiologico dei risultati	61
4.2.2 – Implicazioni metodologiche per la modellistica statistica.....	62
4.2.3 – Conclusioni	63
4.3 – Limiti e sviluppi futuri.....	64
4.3.1 – Limiti del presente studio	64
4.3.2 Direzioni future di ricerca	64
Bibliografia	67
Appendici	69
Appendice A – info mensili.....	69
Appendice B – info stagionali	70
Appendice C – info annuali	70
Appendice D – valutazione modelli mensili	70
Appendice E - valutazione modelli stagionale.....	75
Appendice F - valutazione modelli annuali.....	80

1 - Introduzione

L'epidemiologia moderna richiede approcci statistici avanzati per interpretare dati complessi, come quelli generati durante la transizione dalla pandemia alla fase post-pandemica del COVID-19. Questo studio esplora i limiti dei modelli lineari classici, inadeguati per dati di conteggio e sovradispersi, e propone l'utilizzo di modelli lineari generalizzati (Generalized Linear Model, GLM) per analisi più accurate. Attraverso un'analisi critica del contesto epidemiologico, della rilevanza dello studio e delle alternative metodologiche, oltre a dimostrare come tecniche statistiche raffinate possano migliorare la sorveglianza e la pianificazione sanitaria.

1.1 – Contesto epidemiologico

Questa sezione analizza l'evoluzione di SARS-CoV-2, descrivendo la sua evoluzione con particolare attenzione alle varianti Omicron e alla transizione alla fase post-pandemica. Vengono inoltre descritti i modelli di sorveglianza epidemiologica, dall'elaborazione dei dati grezzi alla modellazione predittiva, e il ruolo cruciale della statistica nell'interpretare dinamiche complesse, superando i semplici modelli descrittivi.

1.1.1 - Evoluzione di SARS-CoV-2 (Omicron e sottovarianti) e transizione alla fase post-pandemica

A partire dalla fine del 2019, l'emergere del SARS-CoV-2 ha rappresentato una delle crisi sanitarie globali più significative del XXI secolo. Dopo la prima ondata pandemica, l'evoluzione del virus ha seguito un percorso di mutazione e selezione naturale che ha condotto all'emergere di varianti come Alpha, Beta, Gamma, Delta e, infine, Omicron, classificate dall'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) come: varianti di interesse (VOI), ovvero quelle varianti che mostrano mutazioni con potenziale impatto sulla trasmissibilità o sull'efficacia sui vaccini, ma la cui evidenza epidemiologica è ancora limitata; varianti di preoccupazione (VOC), sono caratterizzate da un impatto dimostrato in termini di maggiore trasmissibilità, gravità clinica o ridotta efficacia di vaccini e terapie, richiedendo un monitoraggio prioritario da parte delle autorità sanitarie.

In questo elaborato, particolare attenzione viene rivolta alla variante Omicron (B.1.1.529) e alle sue sottovarianti (BA.1, BA.2, BA.4, BA.5, XBB, ecc.). La variante Omicron ha iniziato a svilupparsi nel novembre 2021 e ha rapidamente soppiantato le varianti precedenti grazie a una maggiore trasmissibilità e a una significativa capacità di eludere la risposta immunitaria, legata a mutazioni nella proteina Spike (specialmente nel dominio RBD, che media l'ingresso nelle cellule umane). Tuttavia, ha mostrato una ridotta patogenicità, associata con un minor rischio di ospedalizzazione e morte.

Le sottovarianti di Omicron (BA.1, BA.2, BA.4, BA.5, XBB) hanno ulteriormente aumentato la capacità del virus di eludere l'immunità acquisita da vaccini o infezioni pregresse. In particolare, BA.5 ha dimostrato una

forte evasione immunitaria, riducendo l'efficacia degli anticorpi neutralizzanti. Ciò ha portato a ripetute ondate epidemiche, sebbene con un impatto clinico meno severo rispetto alle fasi iniziali della pandemia.

La fase post-pandemica è definita non tanto dalla scomparsa del virus, ma da una combinazione di fattori come: l'immunità della popolazione, acquisita attraverso le campagne vaccinali e infezioni naturali; la capacità rafforzata di risposta dei sistemi sanitari nella gestione dei casi più gravi; l'adattamento delle strategie di sorveglianza, che hanno spostato l'attenzione dalle misure restrittive verso modelli predittivi e di monitoraggio continuo.

L'OMS ha dichiarato la fine dell'emergenza globale nel maggio 2023, sottolineando la necessità di un approccio sostenibile basato sul monitoraggio continuo e su risposte flessibili. Tuttavia, la circolazione di nuove sottovarianti (come JN.1, emersa nel 2024) dimostra che SARS-CoV-2 rimane un patogeno dinamico, che richiede un costante aggiornamento delle strategie di prevenzione.

1.1.2 - Modelli di sorveglianza epidemiologica: dai dati grezzi alla modellazione predittiva

La gestione della pandemia ha evidenziato la necessità di sistemi di sorveglianza epidemiologica robusti e adattabili. Tali sistemi si sono evoluti da una semplice raccolta di dati grezzi descrittivi (costituiti da dati di mobilità, dal numero di casi giornalieri ottenuti tramite tamponi molecolari/antigenici, ospedalizzazioni e numero di decessi che rappresentano indicatori di gravità) verso sistemi integrati in grado di alimentare modelli predittivi attraverso l'utilizzo di calcoli complessi.

Questo avanzamento è necessario perché un uso esclusivo di dati grezzi è soggetto a numerosi bias, come la sottostima di casi dovuta alla riduzione di test diagnostici nella fase post-pandemica, ritardi di notifica in sistemi sanitari decentralizzati e la differenza nella capacità diagnostica tra Paesi (soggetta quindi alle variabili geografiche). Per mitigare queste problematiche sono state introdotte tecniche di elaborazione statistiche come lo smoothing che attraverso medie mobili e/o filtri bayesiani riescono a ridurre il rumore nei dati.

L'armonizzazione di dati eterogenei ha consentito la costruzione di modelli dinamici in grado di stimare l' $R(t)$, ovvero il numero di riproduzione effettivo, che rappresenta un indicatore cruciale per misurare la trasmissibilità del virus per cercare di prevedere l'andamento dei contagi per favorire il processo decisionale per la sanità pubblica. Valori di $R(t) > 1$ indicano una crescita epidemica, mentre i valori di $R(t) < 1$ indicano un declino.

Considerate le complesse interazioni sociali e le mutazioni virali, la capacità di estrapolare informazioni

significative dai dati grezzi, grazie a tecniche di data science e modellazione di statistica avanzata che forniscono approcci più rapidi e flessibili, rappresenta un requisito fondamentale per affrontare future minacce pandemiche e epidemiche.

1.1.3 - Il ruolo della statistica nell'interpretazione di dinamiche complesse

Il ruolo della statistica nel campo epidemiologico non si limita alla semplice descrizione dei dati o dei fenomeni osservati, ma si estende per incorporare modelli causali e predittivi per interpretare dinamiche complesse ed individuare pattern nascosti.

L' analisi statistica classica, basata sui modelli lineari, si è spesso rilevata inefficiente in presenza di dati caratterizzati da non normalità, sovrdispersione e correlazioni spaziali e temporali. Ciò ha spinto la comunità scientifica verso approcci modellistici più sofisticati, come i Generalized Linear Models (GLM), costituiti da modelli ad effetti misti e modelli bayesiani gerarchici che consentono di integrare informazioni pregresse per migliorare le stime e forniscono intervalli utili per comunicare l'incertezza nelle previsioni. Questi modelli consentono di tener conto di variabili non osservabili e produrre inferenze più affidabili soprattutto in contesti in cui le informazioni possono essere incomplete o distorte. L'utilizzo di tecniche di smoothing, come ad esempio la stima non parametrica o la simulazione Monte Carlo, ha ampliato le possibilità analitiche favorendo una comprensione più approfondita dei processi di trasmissione e dell'impatto delle misure di contenimento.

In sintesi, l'integrazione di statistica avanzata, modellazione matematica ed analisi di big data costituisce un elemento cardine per superare i limiti dei modelli puramente descrittivi poiché ci consente di trasformare dei dati grezzi in conoscenza epidemiologica, riuscendo a fornire strumenti per la previsione, la valutazione dell'efficacia degli interventi e l'allocazione ottimale delle risorse sanitarie.

1.2 – Motivo e rilevanza dello studio

Questa sezione chiarisce la necessità di estendere l'analisi tradizionale, evidenziando i limiti dei modelli lineari classici in contesti epidemiologici. Sottolinea l'importanza dell'utilizzo di modelli generalizzati (GLM) per la gestione di dati non-normali e fenomeni di sovrdispersione al fine da poter garantire stime più robuste ed accurate per la ricerca applicata alla salute pubblica.

1.2.1 - Importanza di modelli generalizzati (GLM) e applicazioni in salute pubblica

I Generalized Linear Models (GLM), introdotti formalmente da Nelder e Wedderburn nel 1972, rappresentano una delle principali innovazioni metodologiche per l'analisi di dati che non seguono una

distribuzione normale, ampliando così notevolmente le possibilità di analisi in contesti reali. I GLM rappresentano quindi un cambio di paradigma nell'analisi dei dati epidemiologici che consentono di superare i limiti dei modelli lineari attraverso una struttura flessibile che include: una funzione di legame (link function), una componente sistematica e una distribuzione della famiglia esponenziale per la variabile risposta.

Questo approccio trova ampia applicazione in ambito sanitario ed epidemiologico, consentendo di modellare in modo appropriato variabili di outcome come il numero di casi, ricoveri o decessi (dati di conteggio), che per loro natura sono discreti e non negativi. L'utilizzo di distribuzioni come la Poisson o la Binomiale Negativa, insieme a funzioni di legame come il logaritmo, garantisce che le previsioni del modello rispettino queste caratteristiche fondamentali, producendo stime biologicamente plausibili.

Oltre alla coerenza teorica, i GLM offrono vantaggi pratici significativi. Permettono una migliore valutazione dell'efficacia degli interventi sanitari, come campagne vaccinali o misure di distanziamento, fornendo stime più accurate degli effetti e della loro incertezza. Consentono una sorveglianza epidemiologica più robusta, identificando pattern e trend che potrebbero essere mascherati da modelli inadeguati. In ambito economico-sanitario, supportano analisi di costo-efficacia più affidabili, fondamentali per l'allocazione ottimale di risorse spesso limitate. La flessibilità dei GLM si estende anche alla capacità di incorporare strutture dati complesse, come effetti casuali per tener conto dell'eterogeneità non osservata tra diverse regioni o strutture sanitarie., o per modellare correlazioni spaziali e temporali. Questa capacità di adattarsi alla complessità dei dati reali li rende strumenti indispensabili per affrontare le sfide analitiche poste da patogeni dinamici come SARS-CoV-2, il cui comportamento è influenzato da una miriade di fattori virologici, immunitari e sociali.

Alla luce di questi vantaggi, la scelta di approfondire i GLM ha fornito strumenti appropriati per l'analisi condotta in questo studio, mentre *in generale* rappresenta ancora oggi un passaggio metodologico essenziale nella ricerca epidemiologica contemporanea.

1.2.2 – Modelli alternativi: dati di conteggio, omoschedasticità/eteroschedasticità

L'analisi dei dati epidemiologici richiede un'attenta considerazione della natura specifica delle variabili di outcome. I dati di conteggio relativi a infezioni, ospedalizzazioni e decessi presentano caratteristiche intrinseche che mettono in discussione alcuni dei presupposti fondamentali dei modelli statistici tradizionali. Queste inadeguatezze si manifestano in molteplici dimensioni, tra cui la violazione della non-negatività, l'incapacità di catturare le strutture discrete dei dati, la mancata considerazione dei fenomeni di sovradispersione e, in particolare, l'eteroschedasticità, che costituisce un problema fondamentale che mina la validità delle inferenze statistiche. Questa sezione esplora le caratteristiche fondamentali dei dati di conteggio, discute i concetti di omoschedasticità ed eteroschedasticità e introduce i modelli di regressione di Poisson e Binomiale Negativa come alternative essenziali per un'analisi epidemiologica rigorosa.

Dati di conteggio

I modelli di regressione lineare classica si basano su assunzioni fondamentali che risultano ampiamente violate quando applicati ai dati epidemiologici tipici di conteggio. Ciò accade perché l'assunzione implicita di una variabile dipendente continua, illimitata e normalmente distribuita è in conflitto con la natura discreta, non negativa e spesso asimmetrica dei conteggi reali. Questa inadeguatezza si manifesta attraverso diversi problemi:

1. **Violazione della non negatività**, i conteggi epidemiologici sono per definizione ≥ 0 e non possono assumere valori negativi. Il modello lineare non impone alcun vincolo strutturale su questi aspetti; la funzione di regressione può produrre previsioni negative, specialmente quando la relazione non è perfettamente lineare, quando si lavora con conteggi bassi o quando si estrapola oltre l'intervallo osservato, risultando in previsioni senza alcuna interpretabilità pratica.
2. **Discrepanza strutturale**, i modelli lineari assumono variabili continue, mentre i conteggi epidemiologici consistono in numeri interi non negativi e spesso presentano un eccesso di zeri (ad esempio, in presenza di eventi di trasmissione sporadici o localizzati). Questa discordanza porta a una sottostima della varianza, intervalli di confidenza non validi ed errori standard distorti perché la regressione lineare assume una distribuzione simmetrica degli errori ed è quindi incapace di catturare l'eterogeneità dei dati.
3. **Sfide modellistiche**, i modelli lineari non incorporano naturalmente strutture leggermente più complesse, come i tassi di incidenza, che tipicamente richiedono un offset.

Omoschedasticità / Eteroschedasticità

L'omoschedasticità e l'eteroschedasticità sono concetti fondamentali nella statistica e nell'analisi dei dati che descrivono le proprietà di varianza dei residui del modello. Nello specifico:

- **Omoschedasticità (varianza costante)**

Rappresenta la proprietà di una collezione di variabili casuali di avere tutte la stessa varianza finita. Questo fenomeno si verifica quando la varianza dei residui (cioè gli errori delle previsioni rispetto ai valori osservati) è costante lungo l'intero intervallo delle variabili indipendenti nel modello. Ciò implica che la dispersione dei dati attorno alla linea di regressione, o al valore previsto, è uniforme, e ciò vuol dire che non esiste uno schema sistematico nella variazione della varianza.

Formalmente, si può affermare che $\text{Var}(\epsilon|X) = \sigma^2$ (una costante), mentre graficamente i residui sono distribuiti uniformemente attorno alla linea di regressione senza pattern particolari.

- **Eteroschedasticità (varianza non costante)**

A differenza del caso precedente, questa indica che la varianza residua cambia in funzione delle variabili indipendenti. Ciò implica che la dispersione dei dati può cambiare significativamente in base ai valori delle variabili predittive, influenzando l'affidabilità delle stime dei parametri del modello e le conclusioni che se ne possono trarre.

Formalmente, si può affermare che $\text{Var}(\epsilon|X)$ non è costante ma dipende da X, mentre graficamente i residui possono mostrare un aumento o una diminuzione al crescere di X (come una forma a imbuto) o altri schemi sistematici.

In entrambi i casi, comprendere se un modello statistico presenta omoschedasticità o eteroschedasticità è cruciale per interpretare correttamente i risultati di uno studio epidemiologico e per adattare appropriatamente le strategie di prevenzione e controllo delle malattie. Più in generale, garantire l'assenza di eteroschedasticità (o correggerla) è essenziale per inferenze valide, specialmente negli studi osservazionali dove la variabilità dei dati può essere elevata.

Questo è importante perché se l'eteroschedasticità non viene corretta, i p-value possono essere falsamente significativi e le stime degli effetti possono apparire più precise di quanto non siano in realtà. L'utilizzo di metodi robusti migliora l'affidabilità delle conclusioni e la validità delle politiche sanitarie basate su tali evidenze.

Modelli alternativi

Per superare i limiti dei modelli lineari, sono necessari approcci alternativi. L'analisi epidemiologica moderna si affida spesso a due famiglie di modelli specializzati:

- **Regressione di Poisson**

Rappresenta la soluzione più basilare per i dati di conteggio. Assume che la variabile di interesse segua una distribuzione di Poisson con una funzione di collegamento logaritmica, caratterizzata da una media uguale alla varianza (equidispersione). Questa proprietà la rende adatta per conteggi di eventi rari e indipendenti, in quanto si adatta perfettamente alla non-negatività dei dati, gestisce naturalmente i tassi tramite un offset e produce coefficienti che possono essere interpretati come log-rischi relativi. Tuttavia, la sua principale limitazione è l'incapacità di gestire la sovradispersione (quando la varianza $>$ media), portando a una sottostima degli errori standard e a p-value irrealisticamente bassi se questa assunzione viene violata.

- **Regressione Binomiale Negativa**

Estende il modello di Poisson introducendo un parametro di dispersione aggiuntivo (α), consentendo una modellazione flessibile della varianza in eccesso. Questo la rende ideale nei casi in cui è presente sovradispersione, poiché il modello di Poisson tende a sottostimare la varianza. La varianza è modellata come $\text{Var}[Y] = \mu + \alpha\mu^2$, e quando $\alpha \rightarrow 0$, il modello converge al Poisson, mentre quando $\alpha > 0$, modella esplicitamente la sovradispersione. Inoltre, offre un migliore adattamento a dati con cluster e una maggiore robustezza contro l'inflazione degli zeri e i valori anomali.

L'introduzione dei modelli di Poisson e Binomiale Negativa segna un passo cruciale nella modellazione di fenomeni epidemiologici complessi. Questi modelli mantengono la coerenza con la natura discreta e non negativa dei dati, incorporano la relazione intrinseca tra media e varianza, consentono inferenze più robuste e

forniscono interpretazioni statisticamente solide. In molti casi, costituiscono la base per sviluppi più sofisticati, come modelli misti o approcci bayesiani, in grado di affrontare l'eterogeneità spaziale, gli effetti di correlazione e i dati longitudinali.

Sebbene i Modelli Lineari Generalizzati (GLM) rappresentino un progresso significativo nell'analisi dei dati epidemiologici, la selezione di un modello appropriato è tutt'altro che semplice. L'obiettivo è evidenziare i fondamenti teorici e pratici che ne giustificano l'uso e gettare le basi per l'identificazione di un modello statisticamente appropriato per l'analisi dei decessi per COVID-19. Dopo aver delineato il quadro teorico e motivazionale, il capitolo successivo descrive i dati utilizzati e le procedure adottate per garantire un dataset affidabile e pronto alla modellazione statistica.

1.3 – Obiettivi e Tesi Supportata

Questa sezione delinea gli specifici obiettivi di ricerca e presenta la tesi centrale di questo lavoro. Sebbene i limiti dei modelli lineari classici e la superiorità teorica dei GLM per i dati di conteggio siano ben consolidati nella letteratura statistica, questo studio sostiene che le prestazioni pratiche di questi modelli sono profondamente influenzate da un fattore che ha ricevuto un'attenzione insufficiente: la calibrazione temporale del periodo di analisi. La ricerca mira a dimostrare che, al di là della scelta della specifica tecnica di regressione, l'allineamento dell'arco temporale di modellazione con il fenomeno epidemiologico sottostante è un determinante critico dell'accuratezza predittiva.

1.3.1 – Calibrazione temporale come fattore predittivo per la selezione del modello

L'obiettivo primario di questa tesi è investigare empiricamente e dimostrare che l'accuratezza predittiva dei modelli di regressione non dipende esclusivamente dalla struttura matematica del modello stesso, ma anche dalla finestra temporale selezionata per l'analisi. L'ipotesi centrale presuppone che l'accuratezza delle previsioni di mortalità per COVID-19 nel periodo Omicron/post-Omicron sia più sensibile alla scelta dell'arco temporale analitico (se calibrato o meno alle dinamiche epidemiologiche della malattia) che all'appropriatezza teorica del modello statistico. Ciò implica che calibrare le finestre temporali secondo le dinamiche stagionali del fenomeno produce risultati significativamente più precisi, indipendentemente dal modello specifico impiegato.

Questa ricerca è strutturata attorno a un'analisi comparativa di tre distinti scenari temporali:

- Scenari Calibrati: analisi eseguita su intervalli stagionali, seguendo l'approccio proposto da Roccetti et al. che si allinea con i noti pattern stagionali di trasmissione.
- Scenario non calibrato ristretto: analisi eseguita su intervalli mensili arbitrari, che possono catturare

solo frammenti dei cicli di trasmissione.

- Scenario non calibrato esteso: analisi eseguita su intervalli annuali arbitrari, che possono aggregare fasi epidemiologiche contrastanti (ad es. picchi, avvallamenti e plateau).

Più specificamente, lo studio mira a dimostrare che anche i modelli più avanzati (Poisson e Binomiale Negativa) non sono automaticamente più accurati del modello di regressione lineare quando applicati a intervalli di tempo privi di rilevanza epidemiologica; a mostrare che una segmentazione intelligente del periodo di analisi (ad esempio per stagione epidemica) produce stime altamente precise con errori percentuali dell'ordine dell'1/1,5%, a evidenziare i limiti delle analisi "a strascico", ovvero analisi condotte su intervalli temporali non calibrati, che, pur preservando l'andamento generale, generano previsioni con errori di circa il 10% (su base mensile) o addirittura del 100% (su base annuale) e a proporre un'interpretazione critica dello stato dell'arte, che spesso promuove l'applicazione meccanica di modelli statistici senza una sufficiente considerazione del significato epidemiologico dei dati.

L'obiettivo finale è fornire evidenze empiriche che spostino il focus della modellazione epidemiologica da un dibattito puramente metodologico sulla selezione del modello verso un approccio più olistico che privilegi l'intelligenza contestuale e temporale nella progettazione e interpretazione del modello.

1.3.2 – Struttura del lavoro

La struttura di questa tesi è progettata per valutare rigorosamente l'interazione tra specificazione del modello e contesto temporale nell'analisi dei dati di mortalità COVID-19 durante le fasi Omicron e post-Omicron. L'obiettivo primario è dimostrare che l'accuratezza predittiva dipende non solo dal modello statistico impiegato, ma anche – fondamentalmente – dalla calibrazione temporale della finestra analitica. A tal fine, la ricerca è organizzata attorno a tre obiettivi centrali, ciascuno corrispondente a una dimensione chiave della performance del modello.

La ricerca si articola in tre fasi sequenziali, progettate per isolare e misurare questi effetti:

1. **Impatto della calibrazione temporale:** vengono confrontate previsioni ottenute da finestre stagionali calibrate con previsioni derivate da intervalli non calibrati, al fine di misurare in che modo la segmentazione temporale influenzi la validità dei risultati.
2. **Confronto tra i modelli:** tale analisi mira sia a verificare se le proprietà teoriche dei modelli (gestione dei conteggi, risposta alla sovradispersione) si traducano in un vantaggio empirico, sia a comprendere come la calibrazione temporale condizioni questi vantaggi. Questa valutazione porta a identificare empiricamente il “fenomeno dell’errore 1%–10%–100%”: errori minimi (1–1,5%) nelle finestre stagionali calibrate, errori intermedi (~10%) nelle finestre mensili arbitrarie e errori anche dell’ordine del 100% nelle finestre annuali non calibrate. Tale schema evidenzia che la segmentazione temporale è un determinante più potente della stessa struttura matematica del modello

3. Affidabilità dell'uso di finestre temporali calibrate e non: valuta criticamente l'affidabilità operativa dei modelli quando applicati in modo "a strascico" (cioè su serie continue e non segmentate) rispetto a un uso contestualmente informato. Questo confronto evidenzia i rischi di un'applicazione meccanica dei modelli e sottolinea l'importanza dell'intelligenza temporale nella pratica epidemiologica.

In conclusione, i risultati ottenuti mostrano che la regressione lineare, pur teoricamente meno adatta ai dati di conteggio, può raggiungere prestazioni comparabili – e talvolta superiori – a Poisson e binomiale negativa quando applicata entro finestre temporalmente calibrate. Viceversa, nessun modello mantiene affidabilità quando la segmentazione è incoerente o arbitraria. La tesi dimostra quindi che la calibrazione temporale non rappresenta un semplice affinamento metodologico, ma un prerequisito essenziale per ottenere previsioni robuste e interpretabili nella modellazione epidemiologica.

2 – Dati e metodologia

Nel secondo capitolo viene illustrato l'approccio analitico ed il percorso metodologico dello studio, partendo dalla descrizione del dataset e delle variabili, passando per la verifica delle ipotesi epidemiologiche, fino alla valutazione dei modelli statistici impiegati. Vengono confrontati i diversi modelli statistici, con particolare attenzione alla loro adeguatezza per dati di conteggio attraverso l'utilizzo di criteri quantitativi per valutarne le performance. L'obiettivo è garantire stime robuste e replicabili per l'interpretazione dei trend pandemici, analizzando in modo rigoroso la relazione tra varianti virali e parametri epidemiologici.

2.1 – Descrizione del dataset

In questa sezione vengono presentate le fonti dei dati e di conseguenza la struttura del dataset utilizzato per lo studio proveniente sia dall'Istituto Superiore di Sanità (ISS) che da un repository mantenuto dal dipartimento della Protezione Civile italiana, l'intervallo temporale, che va dal 2020 al 2025) e le variabili usate, che includono numero di casi, dati clinici e dati demografici. Vengono inoltre descritti i passaggi di pre-processing per gestire al meglio i valori mancanti, rilevare gli outliers e applicare trasformazioni, al fine di assicurare la qualità dei dati.

2.1.1 - Fonte dati, intervallo temporale, variabili incluse

Il presente studio si basa su un dataset aggregato su base settimanale, originariamente descritto da Roccetti et al. (2025) in un articolo pubblicato su medRxiv (piattaforma di preprint molto diffusa in ambito biomedico), che analizzano l'andamento della mortalità da COVID-19 in Italia nel periodo compreso tra l'inizio del 2020 e il gennaio 2025. In particolare, i dati analizzati provengono essenzialmente da due fonti: un repository mantenuto dalla Protezione Civile italiana, sotto il presidente italiano del Consiglio dei Ministri (<https://github.com/pcm-dpc/COVID-19/blob/master/dati-andamento-nazionale>) e da un repository proveniente dall'ISS (Istituto Superiore di Sanità) mantenuto dal ministero italiano della salute (<https://www.salute.gov.it/new/it/tema/covid-19/report-settimanali-covid-19/>). Lo scopo principale dell'autore era evidenziare pattern stagionali nella mortalità legata al virus SARS-CoV-2, con particolare attenzione al confronto tra le ondate pandemiche e le fasi di endemicità, a partire dalla diffusione della variante Omicron.

La raccolta copre cinque anni di osservazione che vanno dal 1° gennaio 2020 al 8 gennaio 2025, un arco temporale che ha visto l'evoluzione del virus, passando da ceppi ad alta letalità (come Alfa e Delta) a varianti più trasmissibili ma meno letali (es. Omicron BA.5, XBB, JN.1).

Sebbene la granularità settimanale dei dati risulti essere limitata rispetto a quella giornaliera, l'aggregazione settimanale rappresenta un buon compromesso tra dettaglio informativo e stabilità statistica. Questo approccio trova infatti riscontro nella raccomandazione dell'ECDC (European Center for Disease Prevention and Control) e dell'OMS (Organizzazione Mondiale della Sanità), poiché l'utilizzo dei dati settimanali è

particolarmente appropriato per studi su trend e modelli stagionali in ambito epidemiologico.

Le variabili che entrano in gioco possono essere classificate in due categorie:

- **Variabili dipendenti** (outcome), di cui fanno parte il numero dei casi giornalieri definito dal numero dei test (sia molecolari che antigenici) e dalle reinfezioni (definite come nuovi casi a ≥ 90 giorni dalla prima diagnosi) e indicatori di gravità come il numero dei decessi che possono essere attribuiti al COVID-19, il tasso di ospedalizzazione ed il tasso di occupazione delle terapie intensive (se presente nei dataset supplementari).
- **Variabili indipendenti** (predittori), di cui fanno parte fattori virologici come variante dominante (Delta, Omicron, ecc) e frequenza delle sottovarianti ottenuta tramite sorveglianza genetica e sequenziamento, fattori demografici come la fascia d'età media della popolazione colpita, fattori immunitari che definisce lo stato vaccinale, e fattori ambientali, sociali e temporali come temperatura media e umidità relativa, stagionalità, eventi o festività di aggregazione, ecc

L'inclusione di queste variabili consente di modellare l'effetto congiunto del tempo, della virulenza e di altri fattori contestuali sulla letalità osservata.

2.1.2 – Pre-processing: gestione di missing values, outliers, trasformazioni (es.: logaritmica)

La fase di pre-processing è essenziale per garantire la qualità e la robustezza dell'analisi statistica, poiché i dati epidemiologici potrebbero essere soggetti a specifici problemi come:

- **Valori mancanti**

Tale problematica è il risultato di ritardi di notifica e/o problemi di aggiornamento settimanale. Questo controllo è fondamentale perché con la mancanza dei dati si rischia di non cogliere picchi o variazioni improvvise, avere una distorsione della curvatura epidemica con una sottostima della gravità o creazioni di “buchi” seguiti da picchi ed ad un effetto negativo sui modelli statistici come stime distorte dei parametri, convergenza errata degli algoritmi e quindi una varianza superiore nei residui. Per la loro gestione è stata evitata l'imputazione arbitraria (per esempio sostituendo con 0), poiché rischia di distorcere l'andamento della curva epidemica ed introduce dei bias sistematici nell'analisi. Si è optato per una strategia semplice e conservativa, che *in questa analisi è stata applicata* attraverso interpolazione lineare e media stagionale nei casi necessari, che comprende quindi: per periodi brevi (1-2- settimane) interpolazione lineare o media mobile; per periodi lunghi imputazione tramite regressione temporale o media stagionale basata su anni successivi. Tuttavia non sono emerse anomalie per i valori mancanti nelle serie principali per quanto riguarda il numero dei casi o dei decessi settimanali, confermati anche dopo i controlli di qualità.

- **Outliers (valori anomali)**

Vanno ad identificare le anomalie che rappresentano errori di reporting oppure associati a picchi di mortalità straordinaria dovuti a correzioni retroattive. Gli outliers relativi al primo caso sono stati identificati sia tramite metodi grafici utilizzando boxplot, sia attraverso metodi di statistica classica con z-scores, in questo caso con la foresta isolata.

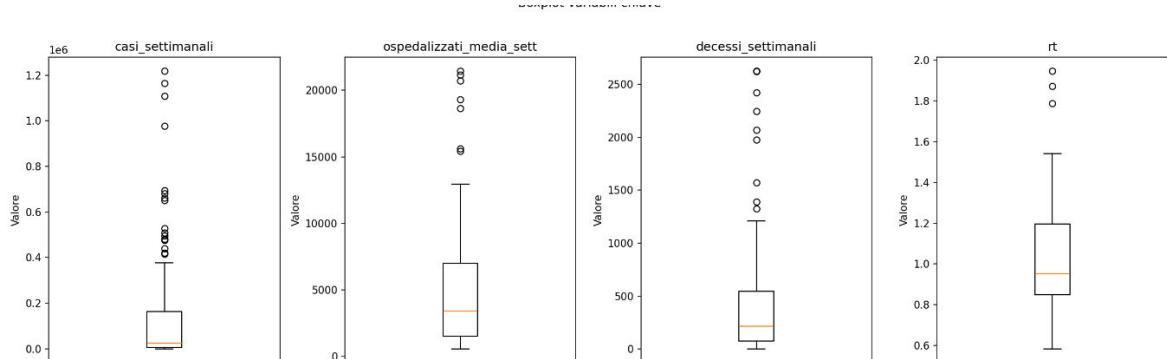


Figura 1, Boxplot delle variabili analizzate (casi settimanali, ospedalizzazioni, decessi, R(t) trasmisibilità). I punti al di fuori dei whiskers rappresentano outliers

Variabile	Outliers Below	Outliers Above	Range Below	Range Above
Casi Settimanali	0	17	-228.722	399.070
Decessi	0	7	-6.659,29	15.171,57
Ospedalizzazioni	0	9	-626,5	1.249,5
R(t)	0	3	0,33	1,72

Tabella 1, Outliers rilevati nelle variabili, con conteggio dei valori al di sotto e sopra le soglie

L’analisi del boxplot, coerente con i valori numerici riportati in Tabella 1, conferma che i range below negativi osservati derivano esclusivamente dalla forte asimmetria delle distribuzioni. I whiskers inferiori del grafico non rappresentano valori realmente negativi, ma riflettono la distanza statistica dagli outliers positivi estremi, mostrando perfetta coerenza tra rappresentazione grafica e misure tabellari.

I limiti negativi **non significano** che ci aspettiamo valori negativi per casi, decessi o ospedalizzati in quanto assurdo in questo contesto, ma indicano una distribuzione estremamente asimmetrica, con un’enorme variabilità e quindi differenza tra periodi normali e picchi epidemici, e la presenza di outliers estremi con valori anomali molto distanti dalla distribuzione centrale. Tutti gli outliers, quindi, sono “high”, indicando che i picchi epidemici rappresentano valori estremamente anomali rispetto alla distribuzione normale dei dati e quelli che sono stati riscontrati i seguenti outliers: 25 per i casi settimanali; 31 per le ospedalizzazioni medie settimanali; 36 per i decessi; 11 per il tasso di trasmisibilità $r(t)$. Questi dati rappresentano un segnale matematico (in quanto il limite negativo è di per sé un indicatore della distribuzione estrema oltre al mostrare chiaramente che gli outliers esistono solo nella direzione positiva) che conferma visivamente quello che già sappiamo: la pandemia ha avuto picchi drammaticamente alti rispetto alla baseline.

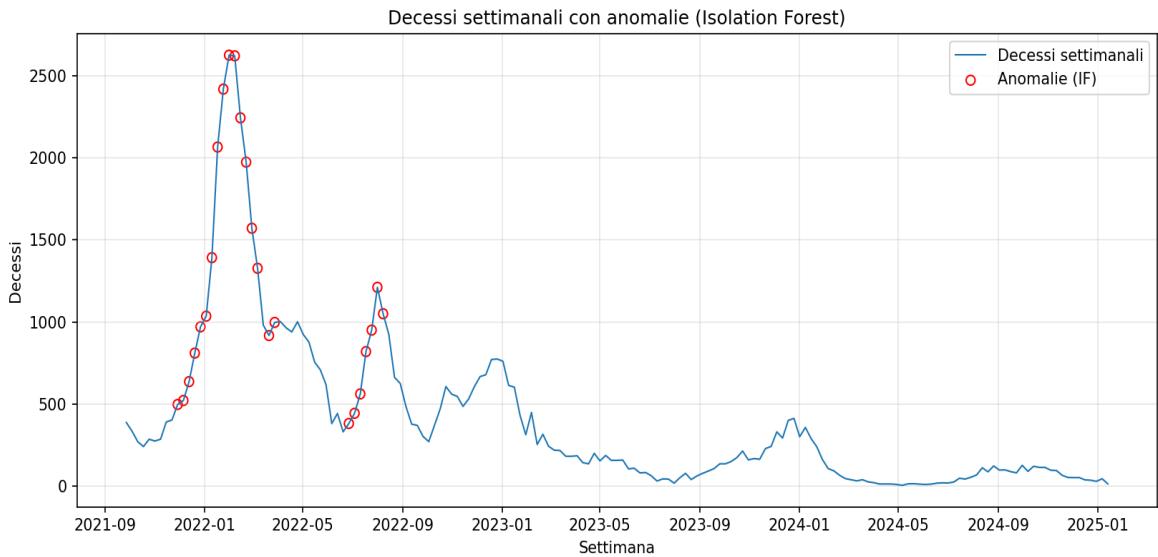


Figura 2. Anomalia individuata tramite algoritmo Isolation Forest: punti segnati come outliers multivariati rispetto ai pattern normali del dataset

L'algoritmo Isolation Forest ha individuato 50 outliers, i quali corrispondono visivamente ai punti isolati nella Figura 2. La minor densità della nube di osservazioni nelle aree identificate graficamente corrisponde esattamente ai valori anomali rilevati, concentrati principalmente nei periodi di picco epidemico (ad esempio marzo 2020, novembre 2020, gennaio 2022), garantendo coerenza tra analisi numerica e rappresentazione visuale.

Attraverso questo approccio siamo in grado di mostrare come questi valori anomali corrispondano a settimane con valori estremamente elevati di casi, decessi e ospedalizzazioni, confermando la capacità dell'algoritmo di identificare pattern anomali multivariati.

Per ridurre l'influenza degli outliers nelle variabili indipendenti è stata applicata una winsorizzazione al 95° percentile. Questa soglia rappresenta un compromesso ottimale ampiamente utilizzato negli studi epidemiologici: limita l'influenza dei valori estremi preservando la forma della distribuzione senza alterare la variabile dipendente. Inoltre, come mostrato nei grafici delle serie temporali, i valori winsorizzati rimangono pienamente coerenti con l'andamento osservato. In questo elaborato il numero dei decessi è considerato come variabile dipendente. Al fine di evitare che la presenza di outliers nelle variabili esplicative influenzi in modo eccessivo la stima dei coefficienti, senza tuttavia alterare artificialmente i valori osservati della variabile risposta (i.e. il numero di decessi), la procedura di Winsorizzazione è stata applicata esclusivamente alle variabili indipendenti. Nel dettaglio, i risultati riportano le trasformazioni effettuate sulle seguenti variabili:

- Per casi settimanali: valori sotto 571,78 e sopra 1.037.282,48 sono stati corretti (6 osservazioni totali)
- Per decessi settimanali: valori sotto 10,08 e sopra 5.093,42 sono stati corretti (6 osservazioni)
- Per ospedalizzati: valori sotto 575,64 e sopra 34.135,17 sono stati corretti (6 osservazioni)
- Per R(t): valori sotto 0,626 e sopra 2,398 sono stati corretti (6 osservazioni)

Ciò è importante innanzitutto perché Questi risultati confermano che la pandemia COVID-19 ha avuto un andamento "a picchi" con periodi di relativa normalità intervallati da esplosioni epidemiche chiaramente identificabili come eventi anomali statisticamente. In secondo luogo perché ci consente di separare gli errori di reporting da fenomeni reali che possono portare alla creazione di picchi artificiali, poi perché i modelli statistici sono sensibili ai valori estremi e gli outliers non gestiti possono spostare le stime dei parametri in modo significativo, peggiorare la bontà di adattamento del modello ed aumentare la varianza residua.

- **Trasformazioni**

Necessaria in distribuzioni non gaussiane con varianza instabile e una marcata asimmetria (skewness). La skewness (asimmetria) è una misura statistica che quantifica quanto una distribuzione si discosta dalla simmetria. Nei dati epidemiologici sul COVID-19, la skewness positiva indica che vi sono settimane con pochi decessi e rare settimane con picchi molto alti, fenomeno comune nelle ondate epidemiche. Una distribuzione altamente asimmetrica può compromettere la validità dei modelli lineari, rendendo necessario l'uso di modelli alternativi o, appunto, le trasformazioni. Questa fase risponde alle esigenze relativi ai requisiti di normalità dei residui e stabilità della varianza nei modelli lineari. Anche in questo caso si è optato per una scelta semplice e quindi è stata applicata una trasformazione logaritmica della variabile di output

$$Y^* = \log(Y + 1)$$

Dove Y rappresenta il numero dei decessi settimanali (per ridurre skewness), mentre l'aggiunta di 1 serve a gestire le osservazioni nulle ed evitare valori anomali. Applicando la trasformazione logaritmica siamo in grado, non solo di migliorare le proprietà statistiche del modello, ma anche di rendere più interpretabili l'effetto percentuale della covariante nei modelli con link log.

Tuttavia, nella seconda parte dell'analisi – in cui si adottano modelli di conteggio come Poisson e Binomiale Negativa – la trasformazione logaritmica viene sostituita da una modellazione diretta dei conteggi, preservando la discrezione e la distribuzione empirica dei dati. In questo contesto, l'approccio GLM (Generalized Linear Model) è ritenuto più adeguato rispetto a trasformazioni "forzate". In questo caso le trasformazioni logaritmiche hanno ridotto l'asimmetria delle distribuzioni di casi e decessi, favorendo un migliore adattamento dei GLM e la stabilità degli intervalli di confidenza.

La pipeline completa delle fasi di pre-processing può essere racchiusa in una serie di steps che ha incluso: pulizia iniziale, in cui si è svolta un'attività di rimozione dei duplicati e correzione degli errori manifestati; gestione dei missing data, attraverso un'analisi dei pattern ed imputazione multipla; filtraggio degli outliers attraverso un trattamento selettivo e l'identificazione multivariata; trasformazioni, che comprende una preparazione alla modellazione dei dati ed una normalizzazione delle distribuzioni.

Questa fase di elaborazione preliminare del dataset è fondamentale per affrontare le anomalie in modo tale da poter garantire la qualità e la robustezza dell'elaborazione statistica.

2.2 – Modelli statistici

Questa parte confronta diversi approcci di modellazione che partono dal modello lineare classico (ripreso dall’articolo di partenza), passando per la regressione di Poisson ed infine alla regressione Binomiale Negativa, evidenziandone specifiche, vantaggi e limiti. Vengono discusse le assunzioni sottostanti ad ogni modello ed i criteri di selezione basati su test di verosimiglianza e criteri di informazione come AIC e BIC, per identificare il modello più adatto ai dati epidemiologici.

2.2.1 - Modello lineare: specificazione e limiti

Il modello lineare classico rappresenta il punto di partenza dell’analisi statistiche ed epidemiologica poiché rimane un punto di partenza utile per una serie di ragioni principali, quali:

- Semplicità interpretativa, consente di tradurre relazioni complesse in un modello facilmente leggibile, in cui l’effetto di ogni variabile indipendente è rappresentato da un coefficiente che indica la direzione e l’intensità dell’associazione.
- Rapida descrizione dei trend, fornisce una rappresentazione intuitiva sotto forma di rette che rendono immediata la direzione e velocità del cambiamento, mostrando quindi l’andamento di crescita e/o diminuzione. Questa è una proprietà particolarmente utile come ad esempio in nella fase iniziale di una pandemia, quando è necessario trasmettere velocemente i segnali di crescita o riduzione senza entrare in dettagli tecnici.
- Supporto metodologico e software consolidati, facilitano l’implementazione e l’interpretazione anche da parte di non specialisti. Per questo motivo, costituisce una base di confronto con approcci più sofisticati e funge da “benchmark” iniziale in molte analisi applicate.

Il modello lineare classico può essere espresso come:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_k X_k + \varepsilon, \text{ dove } \varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$$

Tuttavia, nonostante la sua semplicità interpretativa, in un contesto come quello epidemiologico con dati di conteggio, presenta notevoli limiti quali:

- *Non adatto a dati di conteggio*: il modello lineare può prevedere anche valori negativi ed i decessi settimanali sono variabili discrete e non negative, ciò può produrre previsioni biologicamente implausibili.
- *Sovradispersione*: la varianza dei dati supera spesso la media, violando l’assunzione di varianza costante.

- *Eterogeneità*: l'effetto delle variabili può cambiare in funzione del tempo o di caratteristiche latenti, difficili da modellare linearmente.
- *Dipendenza temporale (autocorrelazione)*: i dati temporali aggregati presentano spesso dipendenza seriale (es. effetto della settimana precedente su quella corrente), che l'OLS non gestisce in modo naturale.

Per queste ragioni, pur rimanendo un utile strumento, il modello lineare classico non è sufficiente per una rappresentazione realistica e robusta dei dati epidemiologici. Da qui nasce l'esigenza di estendere lo studio a modelli alternativi più adatti su dati di conteggio – come la regressione di Poisson o la regressione binomiale negativa – che rispettano la natura discreta e non negativa dei dati di conteggio, permettono di trattare la sovradispersione e sono più adeguati a catturare la complessità dei fenomeni osservati. Questi modelli non sostituiscono il modello lineare, ma lo integrano, consentendo di passare da una visione descrittiva e semplificata a un'analisi più aderente alla realtà epidemiologica.

2.2.2 - Modello di Poisson: adatto per dati di conteggio, ipotesi di equidispersione

Numerosi studi hanno dimostrato che il modello di Poisson rappresenta un buon punto di partenza nel contesto epidemiologico per: prevedere l'incidenza settimanale dei casi o dei decessi; modellare l'effetto di politiche sanitarie (come ad esempio l'introduzione di nuove dosi vaccinali); valutare l'impatto delle varianti (in termini di conteggio dei decessi).

La regressione di Poisson rappresenta una tecnica statistica progettata specificatamente per l'analisi dei dati di conteggio, ideale in presenza di ipotesi con equidispersione in cui la media è uguale alla varianza. Ciò risulta fondamentale poiché se l'equidispersione non viene soddisfatta può portare alla generazione di stime distorte degli errori standard. Ciò porta ad avere una serie di punti di forza nel contesto epidemiologico, quali:

- Rispetto della natura dei dati, poiché progettata specificatamente per l'analisi dei dati di conteggio (che in tale contesto sono discrete e non negativi) per eliminare il rischio di previsioni biologicamente implausibili
- Interpretabilità epidemiologica, permettendo una diretta traduzione in termini di rischio relativo
- Modellazione dei tassi, attraverso l'uso di un offset, il modello può analizzare tassi anziché conteggi assoluti, fondamentale per confronti temporali e territoriali
- Base teorica solida, poiché deriva da processi stocastici ben studiati, assumendo eventi indipendenti e a bassa probabilità, condizioni spesso ragionevoli per malattie infettive in popolazioni grandi

La sua specificazione è:

$$\log(E[Y|X]) = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_k X_k$$

Assume che $Y|X$ coincide con Poisson(μ), con $E[Y|X] = \text{Var}(Y|X) = \mu$ (equidispersione).

I coefficienti β sono interpretabili come logaritmo del rapporto dei tassi (log rate ratios). Per modellare tassi (es. tasso di mortalità) invece di conteggi assoluti, si include un offset, ad esempio il logaritmo della popolazione a rischio.

D'altro canto, è necessario considerare alcune limitazioni significative, date da:

- Ipotesi di equidispersione spesso violata, nei contesti epidemici, la varianza spesso supera significativamente la media (sovradispersione), portando a sottostima degli errori standard e sovrastima della significatività statistica
- Mancanza di flessibilità, poiché non cattura adeguatamente l'eterogeneità non osservata tra individui o nel tempo, comune nei dati pandemici
- Sensibilità agli outliers, perché eventi estremi (picchi epidemici) possono influenzare eccessivamente le stime dei parametri
- Indipendenza di eventi, portando alla violazione dell'assunzione d'indipendenza in presenza di fenomeni di contagio o cluster spaziali

Sebbene questa tecnica è ideale per conteggi di eventi rari e indipendenti, l'ipotesi di equidispersione è spesso irrealistica in questo contesto epidemiologico (sovradispersione comune), portando a sottostima degli errori standard e sovrastima della significatività statistica se violata.

2.2.3 - Regressione binomiale negativa: estensione per sovradispersione (varianza > media)

Il modello di regressione binomiale negativa rappresenta una naturale estensione del modello di Poisson descritto nella sezione precedente, in quanto capace di gestire la sovradispersione dei dati attraverso l'introduzione di un parametro di dispersione α , andando a rilassare così l'ipotesi di equidispersione. Punti di forza di questo modello sono costituiti da:

- Gestione esplicita della dispersione, rilassando l'ipotesi restrittiva di equidispersione, consente alla varianza di superare la media
- Robustezza statica, poiché produce errori standard più conservativi e intervalli di confidenza più realistici quando è presente eterogeneità non osservata
- Adattamento ai dati reali, attraverso la flessibilità aggiuntiva permette un migliore adattamento ai pattern empirici, particolarmente importante durante le fasi di picco epidemico dove la variabilità aumenta significativamente
- Compatibilità backward, poiché per $\alpha \rightarrow 0$ il modello converge al Poisson, rappresentandone una

generalizzazione naturale che mantiene la stessa interpretabilità dei coefficienti

La regressione Binomiale Negativa modella $Y|X$ come una variabile aleatoria con distribuzione Binomiale Negativa, dove:

$$E[Y|X] = \mu \text{ e } Var(Y|X) = \mu + \alpha\mu^2$$

Quindi con $\alpha \rightarrow 0$ (alfa tendente a 0) abbiamo un modello che converge con quello di Poisson, mentre $\alpha > 0$ è presente una sovradispersione crescente in cui la varianza in eccesso viene modellata esplicitamente.

Sebbene rappresenti un modello estremamente potente bisogna però fare avere degli accorgimenti poiché può avere delle limitazioni importanti dovute a:

- Complessità computazionali, provocati dalla stima del parametro di dispersione richiede algoritmi iterativi più sofisticati e può presentare problemi di convergenza con dataset di dimensioni ridotte
- Sovraccarico parametrico, presenza di sovradispersione moderata, il modello può risultare meno efficiente in termini di varianza delle stime
- Sensibilità alla specificazione, e quindi scelte inappropriate delle variabili esplicative possono portare a stime distorte del parametro di dispersione
- Interpretabilità del parametro di dispersione, il parametro α risulta spesso di difficile interpretazione pratica per gli utenti finali

Il modello di regressione binomiale negativa viene spesso preferito nei contesti epidemiologici per la sua capacità di rappresentare la variabilità empirica dei conteggi in modo più accurato poiché la mortalità settimanale dei dati COVID-19 italiani (2020 – 2025) mostra un’ampia variabilità non spiegata dalle variabili conosciute come la variante, il clima e/o le vaccinazioni. Attraverso tale modello siamo in grado di modellare gli effetti latenti senza compromettere la significatività statistica, consentendoci di ottenere dei significativi miglioramenti sulle osservazioni e portando a vantaggi come: una gestione della sovradispersione in modo parametrico; miglior adattamento ai dati reali; coefficienti interoperabili come tassi relativi, come ad esempio l’aumento percentuale dei decessi associato ad una variante.

2.3 – Metriche di confronto

Nelle applicazioni epidemiologiche come quella analizzata, è fondamentale bilanciare la capacità interpretativa e le prestazioni predittive. Il confronto tra modelli statistici non può basarsi esclusivamente sulla significatività dei coefficienti, ma deve essere supportato da metriche formali di bontà di adattamento (devianza, pseudo- R^2) e accuratezza predittiva (MAE, Errore Relativo Percentuale), includendo tecniche di convalida incrociata per garantire la robustezza dei risultati. L’uso combinato di queste metriche consente di identificare il modello più adatto sia alla descrizione dei dati osservati che alla previsione di osservazioni

future.

2.3.1 - Criteri di selezione del modello: AIC, BIC, test di rapporto di verosimiglianza

Per confrontare i modelli è necessario adottare delle modalità che possano fornire dei risultati oggettivi, e per fare ciò, in questo studio, si è scelto di usare i criteri statistici più consolidati. I più diffusi sono:

- **AIC (Akaike Information Criterion)**

Rappresenta una misura usata per valutare e confrontare modelli statistici tenendo conto sia della bontà di adattamento sia della complessità del modello al fine di bilanciare bontà di adattamento e complessità andando a penalizzare modelli troppo complessi. Viene definito come:

$$AIC = 2k - 2\log(L)$$

In cui k rappresenta il numero dei parametri del modello, mentre L è la massima verosimiglianza del modello. Un valore AIC più basso indica un modello preferibile perché riesce a spiegare bene i dati con un numero contenuto di parametri.

- **BIC (Bayesian Information Criterion)**

Molto simile al precedente, ma la formula va a penalizzare in modo più severo l'incremento dei parametri, specialmente per campioni di grandi dimensioni. Viene definito come:

$$BIC = \log(n) \cdot k - 2\log(L)$$

In cui n rappresenta il numero di osservazioni, k il numero del modello ed L rappresenta il massimo della funzione di verosimiglianza. A differenza del precedente che premia modelli più flessibili, il BIC favorisce modelli più conservativi e quindi con meno parametri. Nel contesto epidemiologico è particolarmente utile per evitare overfitting e garantire una maggiore generalizzazione del modello ai dati futuri. Anche in questo caso, minore è il punteggio e preferibile è il modello.

- **LRT (Test di rapporto di verosimiglianza)**

Rappresenta un test statistico parametrico utilizzato per confrontare due modelli annidati in cui il modello più semplice è un caso speciale del modello più complesso al fine di valutare se l'aggiunta di parametri può migliorare significativamente la capacità descrittiva del modello. Viene definito come:

$$LRT = -2[\log(L_{semplice}) - \log(L_{complesso})]$$

Abbiamo che LRT segue approssimativamente una distribuzione chi-quadro con un numero di gradi di libertà pari alla differenza nel numero di parametri stimati tra i due modelli. Risulta utile per verificare se l'introduzione di una variabile o la sostituzione del modello di Poisson con una regressione binomiale negativa porta a un miglioramento statisticamente significativo

In conclusione possiamo affermare che AIC e BIC penalizzano complessità e identificano il modello più

parsimonioso; il test di rapporto di verosimiglianza confronta i modelli GLM (i.e. Poisson vs. binomiale negativa). Comunque sia tutti gli indicatori supportano la preferenza per il modello binomiale negativo, che coniuga flessibilità, significatività e robustezza.

2.3.2 - Bontà di adattamento: Devianza, pseudo-R², analisi dei residui

La valutazione della bontà di adattamento, soprattutto nel contesto dell'analisi epidemiologica dei dati COVID-19, rappresenta un passaggio cruciale nell'analisi statistica, poiché permette di verificare quanto un modello riesca a descrivere i dati osservati. Grazie a tale descrizione ci consente di avere una maggiore accuratezza del modello, confrontare i vari modelli e valutare le assunzioni. In particolare vengono esaminate tre metriche fondamentali: la **devianza** per misurare la discrepanza tra modello e dati; **pseudo-R²** che rappresenta l'alternativa all'R² tradizionale per i modelli non lineari; **analisi dei residui** per identificare pattern anomali o violazioni delle assunzioni del modello. In conclusione, queste metriche non solo migliorano la qualità statistica del modello, ma sono anche essenziali per garantire che i risultati abbiano valore pratico e utilità decisionale in ambito di salute pubblica.

Devianza

La devianza rappresenta una misura fondamentale per valutare la bontà di adattamento nei modelli di regressione appartenenti ai GLM (Modelli Lineari Generalizzati). Rappresenta il doppio della differenza tra la log-verosimiglianza del modello saturato (che si adatta perfettamente ai dati) e quella del modello in esame, ed è possibile definirla come:

$$D = 2 \cdot [\log(L_{sat}) - \log(L_{mo})]$$

In cui rappresenta la verosimiglianza del modello saturo perfetto, mentre rappresenta la verosimiglianza del modello considerato. In questo caso abbiamo che valori bassi, quindi ≈ 1 , indicano un buon adattamento, mentre valori > 1 indicano una sovradispersione residua.

In tale studio la devianza viene calcolata per ogni modello presente, ma mentre il modello lineare non prevede questa metrica, i modelli GLM la utilizzano come riferimento diretto.

Pseudo-R²

Nei modelli lineari classici la bontà di adattamento viene rappresentata tramite la quota di variabilità della variabile dipendente spiegata dal modello, ovvero attraverso il coefficiente di determinazione R². Tuttavia, in contesti basati su dati di conteggio o di distribuzioni non gaussiane come quelli dei GLM, non è direttamente applicabile. Per fornire una misura comparativa della qualità del modello, per ‘spiegare la variabilità’ in contesti più complessi come quello in esame in questo testo, si è passato quindi all’analisi del pseudo-R². Ne esistono diverse varianti, ognuna universalmente valido con la propria formulazione che cattura aspetti diversi della bontà del modello, come quello di Cox e Snell o Nagelkerke (o Cragg-Uhler), ma in questo studio si è scelto di usare quello di McFadden poiché, oltre ad essere una delle misure più diffuse nei modelli

GLM, in tale contesto risulta essere meno influenzato dalla dimensione campionaria favorendo valori interpretabili anche in presenza di dati di conteggio (o binari). Mentre Cox & Snell ha un limite massimo inferiore a 1 e il Nagelkerke lo corregge rendendolo più “leggibile”, il McFadden R^2 è più robusto e standard nella letteratura epidemiologica, dove valori tra 0.2 e 0.4 sono già considerati indice di buon adattamento. Lo pseudo- R^2 di McFadden viene definito come:

$$R^2 = 1 - \frac{\log (L_{FULL})}{\log (L_{NULL})}$$

In cui: L_{FULL} rappresenta la verosimiglianza del modello stimato con tutte le variabili, L_{NULL} mentre è la verosimiglianza del modello nullo.

In questo modo non viene misurata direttamente la percentuale di varianza spiegata, ma la capacità del modello di ridurre l’incertezza rispetto al caso nullo, ovvero calcola il valore che indica quanto il modello “migliora” rispetto a un modello senza predittori. Utilizzando il pseudo- R^2 di McFadden abbiamo che i valori vicino allo 0 indicano uno scarso potere indicativo, valori compresi tra 0.2 e 0.4 vengono considerati un buon adattamento mentre valori maggiori o uguali a 0.5 possono suggerire la presenza di overfitting.

Utilizzando tale modello di bontà di adattamento siamo in grado di fornire un criterio semplice ed intuitivo per valutare se l’aggiunta di variabili porta ad un sostanziale miglioramento dell’adattamento del modello ai dati osservati.

Analisi dei residui

L’analisi dei residui risulta essere un elemento diagnostico imprescindibile per valutare la presenza di valori anomali o outliers, pattern sistematici non spiegati dal modello e violazioni di assunzioni fondamentali come ad esempio l’omoschedasticità o l’indipendenza dei dati.

Avendo utilizzato modelli di Poisson e Binomiale Negativa, per effettuare l’analisi viene utilizzata:

- Residui devianza, per la verifica della discrepanza tra modello e dati
- Residui Pearson, per la misurazione della differenza standardizzata tra osservati ed attesi
- Grafici Q-Q (Quantile-Quantile), per il confronto della distribuzione dei residui con quella teorica normale. Una deviazione marcata dalla diagonale indica che il modello non rappresenta adeguatamente i dati

Un esempio ricorrente nei dati COVID-19 è l’eccesso di residui in corrispondenza di settimane con varianti dominanti come Omicron BA.5, indicando la presenza di fattori latenti non modellati.

Questi strumenti non solo aiutano a confrontare diverse specificazioni statistiche, ma garantiscono anche la robustezza delle inferenze epidemiologiche, particolarmente rilevanti nello studio di dati complessi come quelli pandemici.

2.3.3 - Capacità predittiva: MAE, Errore Relativo Percentuale

Questa sezione descrive un aspetto cruciale per i modelli epidemiologici poiché rappresenta lo strumento vero e proprio utilizzato per informare le politiche sanitari. Stimare la capacità predittiva del modello è fondamentale per fornire indicazioni sulla sua robustezza al di fuori del campione in esame. Le metriche usate includono:

- **MAE (Mean Absolute Error)**

Attraverso questa metrica viene misurato l'errore medio tra i valori osservati e quelli predetti, prendendo la media dei valori assoluti delle differenze. Viene calcolata come:

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - y'_i|$$

In questo modo andiamo ad indicare di quanto le predizioni si discostano, in media, dai dati reali. Risulta essere semplice da interpretare perché espresso nelle stesse unità della variabile osservata e penalizza in modo lineare gli errori (ovvero un errore doppio vale esattamente il doppio). In conclusione, usando il MAE forniamo una misura media degli errori, robusta e facilmente interpretabile.

- **Errore Relativo Percentuale**

Per valutare l'accuratezza in termini relativi, soprattutto quando le scale numeriche variano tra periodi o aggregazioni diverse, utilizziamo l'errore percentuale relativo, definito com:

$$ErrPerc = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{|y_i - y'_i|}{y_i} \right) \times 100$$

Questa metrica consente di interpretare l'errore come percentuale rispetto al valore osservato. Risulta particolarmente utile quando i valori cambiano drasticamente tra contesti temporali differenti (mensile, stagionale, annuale), permettendo confronti più stabili anche quando l'ordine di grandezza varia sensibilmente. In conclusione, l'Errore Relativo Percentuale fornisce una misura standardizzata dell'accuratezza, particolarmente utile per comunicare l'incertezza delle previsioni

La differenza fondamentale tra queste due metriche risiede proprio nella loro sensibilità alla scala dei dati: il MAE fornisce una misura assoluta dell'errore, mentre l'Errore Relativo Percentuale fornisce una misura relativa che tiene conto della grandezza dei valori osservati. In questo contesto epidemiologico è utile usare entrambe le metriche perché rappresentano degli indicatori complementari dell'errore di un modello che consentono di avere una visione bilanciata in quanto: il MAE mostra l'errore medio assoluto, mentre l'Errore Relativo Percentuale contestualizza questo errore rispetto alla magnitudine dei valori osservati. Attraverso la validazione incrociata abbiamo un metodo complementare per valutare la robustezza di queste metriche perché rappresenta una procedura di valutazione che ripete più volte il calcolo delle metriche scelte su diverse partizioni del dataset per verificare che i risultati ottenuti sono stabili e generalizzabili.

Tale approccio permette di stimare la reale capacità predittiva dei modelli, riducendo il rischio di overfitting e aumentando l'affidabilità delle conclusioni epidemiologiche in quanto con MAE ed Errore Relativo Percentuale andiamo a misurare la precisione del modello, mentre con la validazione incrociata andiamo a

controllare che quelle misure non dipendano da un singolo campione, ma siano realmente rappresentative.

2.3.4 - Verifica di omoschedasticità (test di Breusch-Pagan, grafici dei residui) e implicazioni

Come descritto nella Sezione 1.3.2 del corrente studio, è essenziale verificare che i dati in questione rispettino la proprietà di omoschedasticità. Nel contesto della regressione lineare classica, uno degli assunti fondamentali è l'**omoschedasticità**: la varianza degli errori deve essere costante per tutti i valori delle variabili indipendenti. La sua violazione, ovvero la **eteroschedasticità**, comporta una serie di problematiche come stime inefficienti, intervalli di confidenza non attendibili, e p-value distorti. La verifica della proprietà di omoschedasticità risulta rilevante, soprattutto nel contesto epidemiologico, poiché i dati di conteggio tendono a mostrare varianze crescenti al crescere dei casi dando origine a sovradiersione.

La verifica di omoschedasticità è stata eseguita in due fasi:

1. Analisi Grafica

In cui sono stati analizzati i grafici dei residui standardizzati rispetto al valore predetto, in particolare ciò include:

- *Scatterplot (Residui vs Fitted)*, la presenza un imbuto oppure una curvatura evidente rappresenta un problema, mentre il pattern ideale è costituito da una nuvola di punti casuale e uniforme casuale intorno lo 0.
- *Scale-Location plot*, Questo grafico mostra la radice quadrata dei residui standardizzati in funzione dei valori predetti. Un trend lineare orizzontale indica l'omoschedasticità, mentre un pattern crescente identifica una varianza non costante e quindi eteroschedasticità.

La presenza di pattern a “cono” o “ventaglio” (residui più dispersi per valori maggiori della variabile predetta) ha suggerito una violazione dell’ipotesi di varianza costante.

2. Test Formale – test di Breusch-Pagan

Utile per rilevare in modo formale la presenza di eteroschedasticità. Questo test valuta se la varianza dei residui può essere spiegata in modo significativo da una funzione lineare delle variabili indipendenti, ovvero se la varianza dei residui è correlata alle variabili dipendenti. Il test si basa su una regressione ausiliaria dei residui al quadrato, con le seguenti ipotesi:

- H_0 : la varianza degli errori è costante (omoschedasticità);
- H_1 : la varianza degli errori è funzione della covariante (eteroschedasticità).

Se i risultati ottenuti mostrano un valore di $p < 0.05$, suggerendo un’evidenza di eteroschedasticità nei

modelli lineari iniziali.

Il riscontro di eteroschedasticità nei modelli lineari iniziali ha implicazioni significative, quali: l'efficienza dei modelli lineari viene compromessa perché, pur restando imparziali, non sono più Best Linear Unbiased Estimator (BLUE), ovvero efficienti; gli errori standard dei coefficienti sono distorti, cioè sottostimati, portando ad eccessiva fiducia nei test di significatività; i p-value risultano troppo "significativi". Ciò rende necessari l'uso di modelli alternativi capaci di gestire in modo esplicito la dipendenza della varianza dal valore atteso, come i modelli di Poisson e/o Binomiale Negativa che modellano esplicitamente la relazione tra media e varianza. In particolare nei modelli di Poisson si assume che la media e la varianza siano uguali (i.e. $E[Y] = \text{Var}[Y]$), mentre nella regressione binomiale negativa la varianza viene modellata come una funzione della media ($\text{Var}[Y] = \mu + \alpha\mu^2$) offrendo maggiore flessibilità in presenza di sovradispersione.

2.4 – Stato dell’Arte

Questa sezione colloca la ricerca attuale nel più ampio contesto della letteratura sulla modellazione epidemiologica, con una crescente enfasi sull’adozione di framework statistici sofisticati, come i Modelli Lineari Generalizzati (GLM), che sono particolarmente adatti a gestire dati di conteggio caratterizzati da distribuzioni non normali e sovradispersione. Tuttavia, nonostante i progressi metodologici, persiste una tensione critica tra la progettazione teorica dei modelli e le loro prestazioni predittive pratiche. Una limitazione ricorrente nella letteratura è l'eccessiva enfasi sulla complessità del modello a scapito della contestualizzazione temporale, con poca attenzione a come il tempismo e la segmentazione delle finestre analitiche influenzino fondamentalmente l'accuratezza del modello. Vengono quindi esaminati i sviluppi chiave nel campo, enfatizzando la necessità di conciliare il rigore statistico con la rilevanza epidemiologica, in particolare per quanto riguarda la strutturazione temporale dei dati utilizzati per le previsioni.

2.4.1 – Caso di studio e Confronto critico nella letteratura

La pandemia di COVID-19 ha fornito un caso di studio senza precedenti per testare e affinare i modelli statistici in epidemiologia. Lo straordinario sforzo di raccolta dati globale ha consentito confronti rigorosi degli approcci di modellazione in condizioni reali. La letteratura include un'ampia gamma di modelli lineari e non lineari impiegati per prevedere casi, ospedalizzazioni e mortalità da COVID-19. Per esempio:

- Bracher et al. (2021) sull'International Journal of Forecasting hanno dimostrato che i modelli lineari classici sottostimavano sistematicamente gli intervalli di previsione durante i picchi epidemici, mentre i modelli di Poisson e binomiale negativa mantenevano una calibrazione più robusta degli intervalli di confidenza.

- Ioannidis et al. (2022) hanno documentato come i modelli lineari non riuscissero a catturare le dinamiche non lineari delle curve di mortalità, specialmente durante le transizioni varianti, con errori di previsione fino al 50% più alti rispetto ai GLM.
- Ray et al. (2023) hanno confrontato regressione lineare, Poisson e binomiale negativa su dati ospedalieri europei, riscontrando che la binomiale negativa superava gli altri modelli in scenari di alta sovradispersione, con riduzioni del MAE del 15-20%.
- Held et al. (2020) su Statistical Modelling hanno convalidato l'uso della regressione binomiale negativa per i decessi settimanali da COVID-19, dimostrando una migliore gestione della sovradispersione rispetto alla regressione di Poisson standard

Nonostante queste innovazioni metodologiche, pochi dei modelli introdotti in letteratura incorporano intervalli di tempo calibrati stagionalmente o epidemiologicamente. Questa omissione ha spesso portato a una fiducia esagerata nella generalizzabilità del modello, mascherando al contempo distorsioni temporali sistematiche.

Un gap critico identificato in diversi studi comparativi è la mancanza di attenzione alla strutturazione temporale delle finestre analitiche. Revisioni sistematiche di Wang et al. (2022) e Chowell et al. (2023) hanno osservato che, sebbene le metodologie comparative siano abbondanti, pochi studi investigano esplicitamente come la scelta dell'aggregazione temporale influenzi le prestazioni del modello attraverso diversi framework statistici. Questo rappresenta una limitazione sostanziale, poiché la scala temporale di analisi può interagire con la specificazione del modello in modi che influenzano significativamente l'accuratezza predittiva, particolarmente in contesti epidemici ad alta variabilità.

Pertanto, il gap nella letteratura non risiede esclusivamente nella selezione del modello, ma nell'allineamento tra il focus temporale del modello e le dinamiche di trasmissione del virus nel mondo reale. Questa tesi affronta questo gap applicando modelli identici sia a intervalli temporali calibrati che non calibrati, al fine di quantificare gli effetti pratici dell'allineamento temporale sulle prestazioni del modello.

2.4.2 – Il lavoro di Roccetti et al. Come punto di inizio

La ricerca condotta da Roccetti et al., articolata nelle pubblicazioni "A Segmented Linear Regression Study of Seasonal Profiles of COVID-19 Deaths in Italy: September 2021–September 2024" e "Beyond the Gold Standard: Linear Regression and Poisson GLM Yield Identical Mortality Trends and Death Counts for COVID-19 in Italy: 2021–2025", rappresenta un precedente metodologico cruciale per questa tesi perché fornisce un framework concettuale che collega la transizione dalla pandemia alle dinamiche endemiche del COVID-19.

Una caratteristica metodologica chiave del lavoro di M. Roccetti, E. De Rosa e G. Cacciapuoti è stata

l'introduzione di un approccio innovativo alla segmentazione temporale, definendo intervalli stagionali basati su considerazioni epidemiologiche piuttosto che calendaristiche. Ciò ha permesso loro di rilevare una ricorrenza stabile della mortalità nelle fasi 1-micron e post-1-micron. Questo approccio enfatizza l'importanza della segmentazione temporale per rivelare fenomeni epidemiologici che altrimenti sarebbero oscurati da analisi lineari o continue.

Tra gli aspetti chiave del lavoro di Roccetti et al. vi sono la definizione epidemiologica delle stagioni, poiché gli autori hanno sviluppato un approccio originale per definire i confini stagionali basato sulle dinamiche di trasmissione piuttosto che su periodi di calendario fissi (ciò ha consentito finestre di analisi biologicamente significative che catturavano cicli epidemici completi), e la documentazione delle prestazioni del modello, poiché la ricerca ha fornito evidenze empiriche che finestre temporali ben calibrate possono produrre prestazioni predittive eccellenti.

Tuttavia, esistono limitazioni e questioni irrisolte che vengono affrontate in questa ricerca, tra cui:

- Confronto limitato degli scenari temporali: sebbene abbiano dimostrato il valore della calibrazione stagionale, non hanno confrontato sistematicamente le prestazioni attraverso l'intero spettro delle aggregazioni temporali (stagionale, mensile, annuale) comunemente utilizzate nella pratica della salute pubblica.
- Completezza degli errori: mentre la loro ricerca abbia fornito dimostrazioni pratiche, non ha pienamente sviluppato le implicazioni teoriche della calibrazione temporale come fattore fondamentale nella modellazione epidemiologica.
- Implicazioni teoriche: il loro lavoro ha documentato le prestazioni ottimali ottenibili attraverso la calibrazione, ma non ha quantificato in modo completo il declino delle prestazioni attraverso diversi scenari di scorretta calibrazione.

Questa tesi si basa direttamente sulle fondamenta metodologiche stabilite da Roccetti et al., estendendo l'analisi in diverse direzioni critiche attraverso:

- Implementazione di modelli di regressione comparativi (lineare, Poisson, binomiale negativa) sia su intervalli di tempo calibrati che non calibrati.
- Test empirico dell'ipotesi che la calibrazione dell'intervallo sia un fattore più decisivo della specificazione del modello nel determinare l'accuratezza della previsione.
- Valutazione delle conseguenze del disallineamento temporale confrontando le prestazioni del modello su diverse scale analitiche (stagionale, mensile, annuale).

Operazionalizzando questi concetti all'interno di un framework predittivo formale, questo lavoro evolve il paradigma metodologico introdotto da Roccetti et al., passando da un'interpretazione stagionale descrittiva a un esame sistematico della sensibilità del modello alla strutturazione temporale. Questo approccio evidenzia il ruolo cruciale della segmentazione dei dati basata sul contesto nella modellazione epidemiologica moderna.

2.4.3 – Perché estendere gli articoli originali? Limiti: da OLS a Poisson

I dati epidemiologici – come i conteggi settimanali di casi, ospedalizzazioni e decessi – presentano proprietà strutturali che sfidano non solo le assunzioni della regressione lineare classica (normalità, continuità dell'outcome, omoschedasticità), ma anche alcune delle assunzioni fondamentali dei modelli di conteggio canonici come la regressione di Poisson. La necessità di estendere gli articoli originali nasce proprio dall'esigenza di affrontare queste limitazioni e di inquadrare l'analisi in una prospettiva che riconosca l'impatto critico della strutturazione temporale in un contesto metodologico che rifletta meglio il comportamento empirico dei dati COVID-19.

L'uso di modelli lineari classici (OLS) è inadeguato per dati come decessi o casi settimanali, poiché ne viola le proprietà fondamentali: genera previsioni negative (biologicamente implausibili) e non gestisce la sovradispersione ($\text{varianza} > \text{media}$), producendo inferenze distorte.

La regressione di Poisson rappresenta un miglioramento, poiché rispetta la natura dei dati e introduce una struttura log-lineare coerente con i conteggi. Tuttavia, essa impone l'assunzione di equidispersione ($E[Y] = \text{Var}[Y]$), raramente verificata nella pratica. Nei dati COVID-19, la sovradispersione è sistematica e dovuta a eterogeneità latente, clustering di trasmissione, dinamiche stagionali e picchi improvvisi. L'uso non critico del modello di Poisson in tali condizioni porta a errori standard troppo piccoli, intervalli di confidenza eccessivamente ottimistici e una falsa percezione di significatività statistica.

Per questo motivo, la letteratura propone la regressione Binomiale Negativa come alternativa più robusta in presenza di sovradispersione. Tuttavia, anche la scelta di un modello più adeguato non basta se non è accompagnata da una corretta interpretazione temporale del fenomeno. Ed è qui che si colloca il contributo distintivo di questa tesi

Il ruolo apportato da questo lavoro consiste nel mostrare che, oltre agli aspetti puramente statistici (equidispersione, discrepanza tra modelli), la calibrazione temporale della finestra di analisi è un determinante centrale dell'accuratezza predittiva, spesso più influente della scelta della famiglia del modello. Attraverso un confronto sistematico fra modelli e scale temporali diverse, la tesi dimostra che anche modelli teoricamente non ideali (come la regressione lineare) possono fornire previsioni sorprendentemente accurate quando applicati entro intervalli epidemiologicamente significativi; viceversa, Poisson e Binomiale Negativa perdono gran parte della loro efficacia quando utilizzati in finestre arbitrarie o non calibrate.

In questo senso, l'estensione degli articoli originali non riguarda solo l'adozione di modelli più flessibili, ma introduce una prospettiva più ampia: la qualità delle previsioni dipende dall'allineamento tra modello e struttura temporale dei dati, e non unicamente dalla complessità del modello statistico. Questa intuizione, emersa dai risultati di questa tesi, rappresenta un contributo metodologico originale e rilevante per

l'epidemiologia quantitative.

3 – Risultati e analisi

Il terzo capitolo presenta i risultati dell'analisi statistica, illustrando l'andamento temporale delle variabili epidemiologiche principali, i risultati dei modelli di regressione e la loro interpretazione nel contesto delle

ipotesi formulate. Vengono inoltre discussi i punti di forza e i limiti dello studio, nonché le implicazioni per la salute pubblica.

3.1 – Risultati descrittivi preliminari

Questo capitolo presenta e discute i risultati empirici ottenuti dall'applicazione dei modelli statistici descritti nel Capitolo 2. L'obiettivo è confrontare le performance dei modelli, validare le ipotesi di ricerca e interpretare gli output alla luce del contesto epidemiologico, fornendo una risposta evidence-based ai quesiti di studio. In particolare vengono esaminati gli andamenti temporali degli indicatori epidemiologici chiave, le statistiche descrittive delle variabili principali e le loro correlazioni, nonché la distribuzione degli outcome attraverso visualizzazioni comparative tra le diverse varianti virali.

3.1.1 - Andamento temporale dei principali indicatori epidemiologici

Punto di partenza per comprendere l'evoluzione della pandemia e della successiva fase post-pandemica è costituita dall'analisi temporale. I dati, aggregati su base settimanale, mostrano un andamento costituito da picchi epidemici di intensità variabile associati all'emergere delle diverse varianti e all'implementazione di misure di contenimento e campagne vaccinali, evidenziando il passaggio da ondate acute a una convivenza endemica con SARS-CoV-2.

Per quanto riguarda il numero di nuovi casi, rappresenta la componente con maggiore volatilità. Dopo le ondate iniziali del 2020 caratterizzate da un numero assoluto di casi relativamente basso ma da un'alta letalità, si è osservato un picco senza precedenti tra la fine del 2021 e l'inizio del 2022, coincidente con la diffusione della variante Omicron BA.1/BA.2, durante il quale il numero di casi ha superato il milione per diverse settimane consecutive. Successivamente, le ondate di BA.5 (estate 2022) e XBB/JN.1 (fine 2023-inizio 2024) hanno mostrato picchi di casi progressivamente inferiori, attestandosi tra i 200.000 e i 400.000 casi settimanali, indicando una transizione verso un'endemicità ad alta circolazione ma minore impatto clinico percepito.

Per l'andamento delle ospedalizzazioni e dei decessi, sebbene correlato a quello dei casi, ha mostrato un disaccoppiamento progressivo a partire dalla diffusione di Omicron. Con questa variante, nonostante il numero di casi esplodesse, il picco di ospedalizzazioni è stato circa il 40% inferiore a quello delle ondate precedenti. Il tasso di occupazione delle terapie intensive ha seguito una traiettoria simile, ma con un disaccoppiamento più marcato, suggerendo una gravità intrinseca ridotta della variante e l'effetto protettivo della vaccinazione.

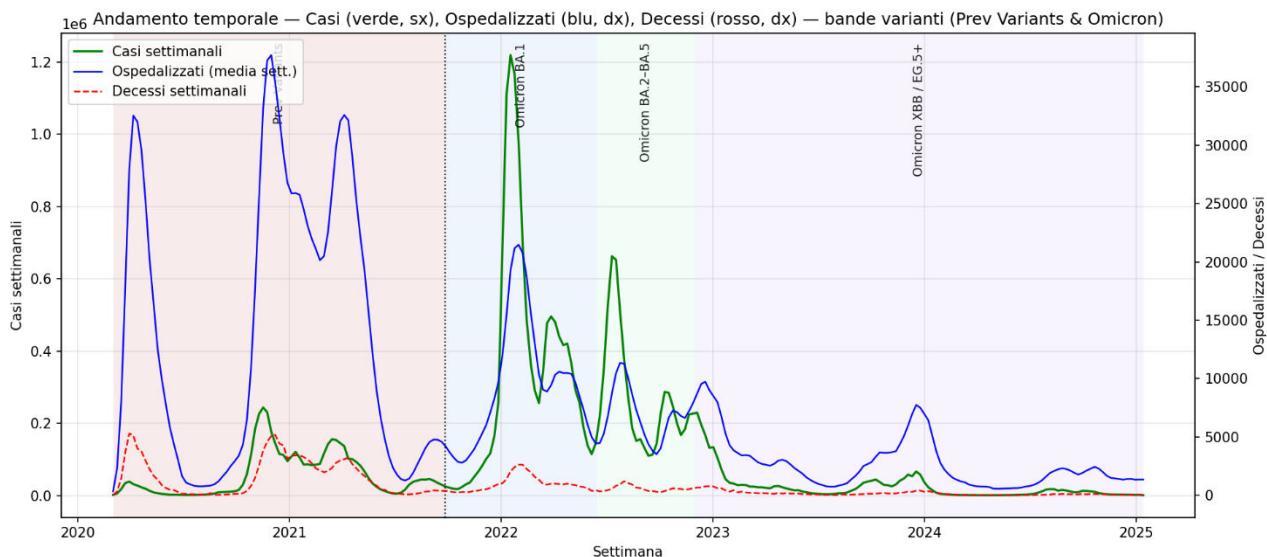


Figura 3, Andamento temporale dell'outcome epidemiologico dell'intero dataset, che evidenzia fasi di incremento, picco e remissione (da Gennaio 2020 a Novembre 2021 - i.e. varianti precedenti - inserito a titolo illustrativo/comparativo)

L'ondata Omicron BA.1, nonostante l'altissimo numero di contagi, ha generato un picco di decessi pari a circa la metà di quello della ondata Delta. Questo andamento discendente nella mortalità, nonostante l'alta circolazione virale, è il risultato congiunto della minore patogenicità di Omicron, dell'immunità pregressa (da infezione naturale) e dell'alta copertura vaccinale.

3.1.2 - Statistiche descrittive e correlazioni tra variabili chiave

Per avere una descrizione sintetica della distribuzione dei dati, utilizziamo delle semplici statistiche descrittive in modo da poter fornire una misura della loro centralità, dispersione e forma distributiva. I dati confermano la natura altamente asimmetrica (i.e. skewness) e sovradispersa tipica dei dati epidemiologici di conteggio, come mostra la seguente tabella:

Variabile	Media	Mediana	Dev.Std	Min	Max	Skewness
Casi	127.346,06	25.674	218.114,7	500	1.219.324	2,8
Ospedalizzazioni	4.753,42	3.390,57	4.286,5	566,86	21.471,29	1,7
Decessi	395,46	216	494,34	4	2.626	2,41
R(t)	1,01	0,95	0,24	0,58	1,95	1,02

Tabella 2, Statistiche descrittive delle variabili in analisi: media, mediana, deviazione standard, valori estremi e asimmetria

Su un totale di 255 settimane, è possibile individuare velocemente l'elevata skewness positiva (i.e. valori > 1). Questo indica una distribuzione con una lunga coda verso destra, in cui la media è significativamente più alta della mediana e ciò conferma la presenza di numerose settimane con valori bassi e poche settimane con valori estremamente alti (picchi epidemiologici), giustificando l'approccio con modelli GLM come Poisson e Binomiale Negativa.

Per individuare le relazioni tra predittori epidemiologici e outcome clinici, invece, usiamo una matrice di Pearson. Ciò ci consente di individuare problemi di multicollinearità e può essere mostrato dalla seguente tabella:

	Casi	Ospedalizzazioni	Decessi	R(t)
Casi	1	0,87	0,85	0,18
Ospedalizzazioni	0,87	1	0,97	-0,04
Decessi	0,85	0,97	1	-0,06
R(t)	0,18	-0,04	-0,06	1

Tabella 3, Matrice di correlazione tra le principali variabili

In questa matrice abbiamo possibili valori che vano da +1 (per indicare una correlazione lineare forte) a -1 (per una correlazione inversa), passando per il valore 0 che indica l'assenza di correlazione. Abbiamo quindi che sulla diagonale il valore è sempre 1 perché ogni variabile è perfettamente correlata con se stessa. Oltre a ciò è possibile vedere che sono presenti:

- **correlazione debole:** come la relazione tra il numero dei casi ed il numero dei decessi (i.e. valore uguale a 0,30). In questo caso l'aumento dei casi non si traduce subito in un aumento dei decessi e quindi la correlazione diretta settimanale risulta più bassa
- **correlazione positiva, ma non forte:** come la relazione tra il numero di casi e le ospedalizzazioni (i.e. valore uguale a 0,36). Abbiamo che quando cresce il numero di casi settimanali, in media aumenta anche il numero di ospedalizzazioni, sebbene non in modo altamente lineare
- **correlazione altissima:** come la relazione tra il numero di ospedalizzazioni e quello dei decessi (i.e. valore uguale a 0,97). Ciò mostra come che le settimane con più ospedalizzazioni hanno quasi sempre più decessi

I valori di R(t) vicini allo 0 non mostra una correlazione lineare con le altre grandezze poiché questo valore misura la velocità di diffusione, mentre le altre rappresentano valori assoluti.

L'analisi conferma l'alta variabilità intrinseca dei dati e l'esistenza di relazioni significativamente intrinseche tra outcome e predittori, con implicazioni dirette per la scelta dei modelli statistici più robusti.

3.1.3 - Visualizzazioni: distribuzione degli outcome per varianti e sottovarianti di SARS-CoV-2

Per valutare visivamente l'impatto delle diverse varianti sulla diffusione del virus e sulla sua severità clinica, sono state create delle visualizzazioni comparative per avere uno strumento immediato dell'interpretazione epidemiologica.

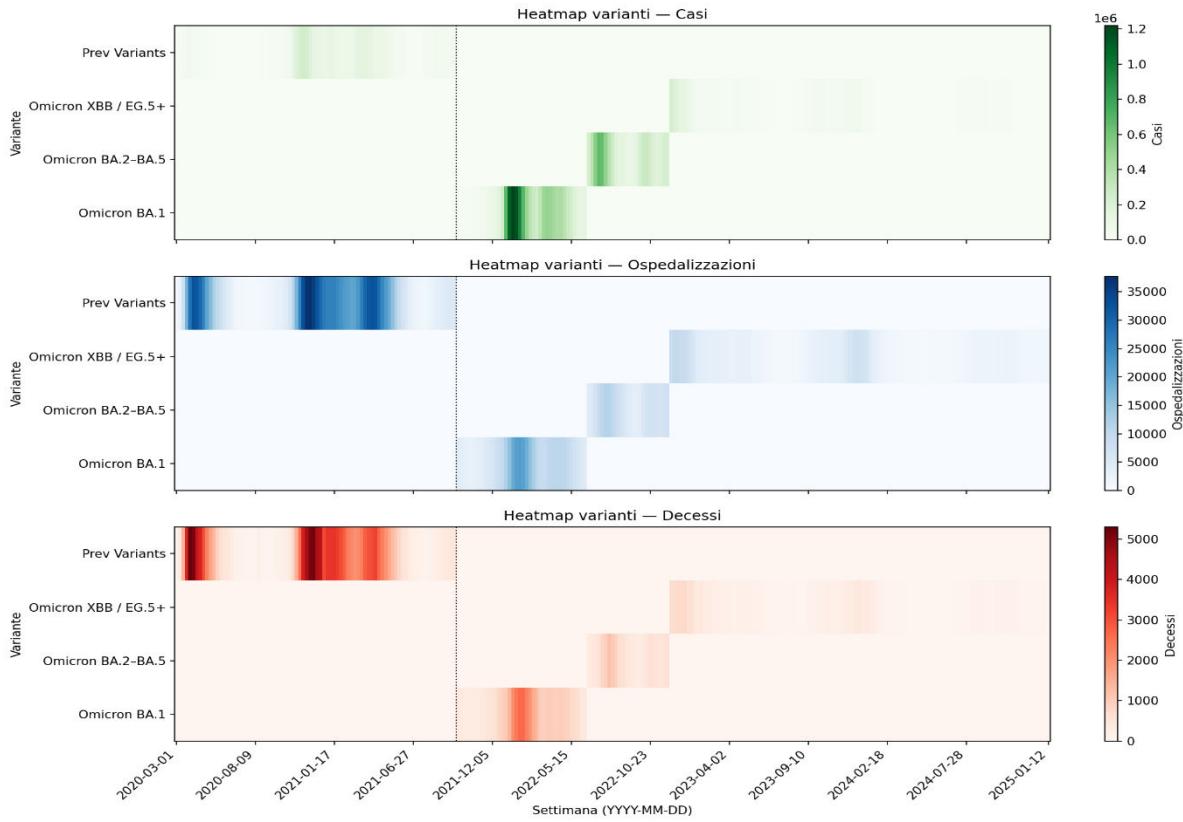


Figura 4, Heatmap della distribuzione dell'outcome nelle diverse fasi temporali, con scala cromatica che rappresenta la densità dei valori

La distribuzione del numero di **casi settimanali** mostra una chiara progressione. I periodi Alpha e Delta sono caratterizzati da mediane relativamente basse ma con ampie escursioni dovute alle ondate acute. Il periodo Omicron, con le sue sottovarianti (BA.1, BA.2, BA.4/5, XBB, JN.1), ha generato pattern epidemiologici distinti. Le varianti BA.1/BA.2 mostrano un drastico aumento sia della mediana che della dispersione, con un'intera distribuzione spostata verso valori molto più alti, riflettendo l'enorme picco di contagiosità. Le sottovarianti successive (BA.5, XBB, JN.1) mostrano una mediana leggermente inferiore ma una dispersione ancora significativa, indicando ondate più smussate ma persistenti, quindi una circolazione più persistente ma con impatto clinico minimo.

Per quanto riguarda la distribuzione dei **decessi settimanali**, evidenzia una storia diversa. Mentre i periodi pre-Omicron (Alpha, Delta) sono caratterizzati da mediane più alte e da valori massimi estremi, mentre il periodo Omicron, nonostante il numero di casi molto più alto, presenta una distribuzione dei decessi con una mediana significativamente più bassa e una minore dispersione. Questo divario visivo tra l'enorme volume di casi e la mortalità relativamente contenuta è la rappresentazione grafica più immediata della ridotta gravità clinica associata a Omicron.

Per quanto riguarda la distribuzione delle **ospedalizzazioni settimanali**, si osserva un andamento intermedio tra quello dei casi e quello dei decessi. Durante le ondate pre-Omicron (Alpha, Delta), le ospedalizzazioni

hanno mostrato picchi elevati, con una distribuzione caratterizzata da valori mediani alti e una notevole variabilità, riflettendo la severità clinica di queste varianti. Con l'avvento di Omicron, nonostante il numero di casi sia esploso, la distribuzione delle ospedalizzazioni si è spostata verso valori mediani più bassi e con una dispersione ridotta rispetto ai periodi precedenti. Questo andamento conferma visivamente il disaccoppiamento tra incidenza dei contagi e dei ricoveri ospedalieri, già emerso nell'analisi temporale, e sottolinea il ruolo congiunto della minore patogenicità intrinseca del virus e della protezione immunitaria nel ridurre la necessità di ricovero.

Le visualizzazioni dimostrano chiaramente la trasformazione del virus: da ondate acute ad alto impatto clinico a una circolazione endemica caratterizzata da bassa letalità, pur mantenendo un'elevata trasmissibilità. Delta mantiene il primato di gravità (con CFR e ospedalizzazione più elevati), mentre Omicron ha causato la più ampia ondata di infezioni, ma con ridotta mortalità. Queste visualizzazioni forniscono un'evidenza preliminare a supporto delle ipotesi H₂ (minore gravità di Omicron) e H₃ (effetto protettivo nel tempo, probabilmente legato alla vaccinazione). Tuttavia, esse non controllano per fattori confondenti come lo stato vaccinale, l'età media della popolazione infetta o la stagionalità. La verifica formale di queste ipotesi richiederà quindi l'utilizzo dei modelli multivariati discussi nelle sezioni successive.

3.2 – Performance dei modelli

Questa sezione presenta e confronta i risultati dei tre modelli applicati – modello lineare classico, regressione di Poisson e regressione Binomiale Negativa – al fine di identificare lo strumento più appropriato per modellare i dati di conteggio epidemiologici. Il confronto si basa su criteri di informazione, metriche di bontà di adattamento e capacità predittiva. Inoltre, viene condotta un'approfondita analisi diagnostica per verificare la soddisfazione delle principali assunzioni statistiche, con particolare attenzione al problema della sovradispersione. Il confronto tra i modelli di regressione rappresenta un passo cruciale per determinare quale approccio catturi meglio la complessità dei dati epidemiologici. I risultati di questa analisi sono preparatori per la corretta interpretazione delle stime degli effetti e la verifica delle ipotesi epidemiologiche.

3.2.1 - Confronto tramite criteri di informazione (AIC, BIC, test di verosimiglianza)

Il confronto oggettivo tra i modelli è stato effettuato utilizzando i criteri di informazione AIC (Akaike Information Criterion) e BIC (Bayesian Information Criterion) per confrontare modelli annidati. In generale abbiamo che modelli AIC/BIC con valori più bassi e LogLik con valori più alti (meno negativo) sono da preferire.

Modello	AIC	BIC	LogLik
OLS	35,44	34,33	-15,72
Poisson	43,77	42,6	-19,89
Binomiale Negativa	41,52	39,75	-17,76

Tabella 4, Valori di AIC, BIC e log-verosimiglianza (LogLik) per modelli: Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto (Mensile) [i.e. tabella con tutti i valori presente in Appendice A]

L'analisi mensile (Tabella 4), mostra che il modello OLS presenta i valori di AIC e BIC più bassi in assoluto, insieme alla verosimiglianza meno negativa. Sebbene questi valori indichino un apparente migliore adattamento in questo scenario specifico, tale risultato è metodologicamente fuorviante. L'OLS, infatti, viola i presupposti fondamentali per l'analisi di dati di conteggio (non-normalità, eteroschedasticità), producendo stime inefficienti e intervalli di confidenza inaffidabili nonostante gli indicatori di informazione possano sembrare favorevoli. Il modello Poisson mostra le performance peggiori con AIC e BIC più elevati e LogLik più negativo, indicando uno scarso adattamento ai dati, mentre la regressione Binomiale Negativa si posiziona in una situazione intermedia, ma con una devianza significativamente inferiore rispetto agli altri modelli, a indicare un migliore controllo della variabilità intrinseca dei dati

Modello	AIC	BIC	LogLik
OLS	168,38	170,33	-83,19
Poisson	7347,22	7353,75	-3672,61
Binomiale Negativa	696,22	702,71	-346,11

Tabella 5, Valori di AIC, BIC e log-verosimiglianza (LogLik) per modelli: Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale) [i.e. tabella con tutti i valori presente in Appendice B]

Nell'analisi stagionale (Tabella 5), i suoi valori di AIC (696,22) e BIC (702,71) sono risultati di gran lunga migliori rispetto a quelli del modello Poisson (AIC=7347,22; BIC=7353,75), posizionandola come scelta preferibile. È interessante notare come l'OLS abbia mantenuto valori di AIC (168,38) e BIC (170,33) apparentemente competitivi, sebbene l'analisi della devianza e dei residui (Sezione 3.2.2) ne abbia successivamente confermato l'inadeguatezza. La superiorità della Binomiale Negativa è emersa in modo inequivocabile negli scenari a più ampia aggregazione temporale

Modello	AIC	BIC	LogLik
OLS	572,64	576,06	-284,32
Poisson	6026,89	6030,31	-3011,44
Binomiale Negativa	547,74	552,87	-270,87

Tabella 6, Valori di AIC, BIC e log-verosimiglianza (LogLik) per modelli: Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato esteso (Annuale) [i.e. tabella con tutti i valori presente in Appendice C]

Nell'analisi annuale (Tabella 6), il vantaggio della Binomiale Negativa si è consolidato, presentando i valori di AIC (547,74) e BIC (552,87) più bassi in assoluto, seguito dal modello OLS. Al contrario, il modello Poisson ha confermato la sua inadeguatezza con valori di AIC e BIC circa undici volte superiori

I risultati dei criteri di informazione rivelano una progressione interessante attraverso le diverse granularità temporali. A livello mensile, le differenze tra modelli sono meno marcate, con l'OLS che mostra performance apparentemente buone. A livello stagionale, il modello Binomiale Negativo inizia a dimostrare la sua superiorità rispetto al Poisson, sebbene l'OLS mantenga valori competitivi di AIC/BIC. Solo a livello annuale la superiorità della Binomiale Negativa diventa inequivocabile, con valori di AIC e BIC chiaramente migliori rispetto a tutti gli altri modelli. Questa progressione evidenzia come l'adeguatezza del modello dipenda criticamente dalla scala di analisi e dal grado di aggregazione dei dati. Per dati epidemiologici con forte variabilità e sovradispersione, come quelli analizzati a livello stagionale e annuale, la regressione Binomiale Negativa rappresenta la scelta metodologicamente più appropriata

3.2.2 - Bontà di adattamento (devianza, pseudo-R², analisi dei residui)

Per descrivere meglio i dati osservati, oltre ai criteri di informazione è stata valutata la bontà di adattamento dei modelli attraverso la devianza, l'R² (per il modello lineare) e pseudo-R² (per i modelli GLM), e l'analisi dei residui costituiti da grafici Q-Q, residui di Pearson e i residui di devianza. Attraverso questi modelli siamo in grado di valutare, non solo quanto un modello si adatti ai dati, ma anche come e dove eventuali discrepanze si manifestano. Di seguito vengono esposti i risultati ottenuti dall'analisi:

Modello	Dev_m	R ² _m	Dev_s	R ² _s	Dev_y	R ² _y
OLS	4.861,81	0,65	424.654,51	0,68	5.246.967,90	0,48
Poisson	10,01	0,34	276,47	0,64	6.283,63	0,43
Binomiale Negativa	3,05	0,28	17,75	0,31	48,09	0,17

Tabella 7, Metriche di bontà dell'adattamento: devianza residua e pseudo-R² dei modelli Lineare, Poisson e Binomiale Negativa, visualizzati per le tre granularità temporali (mensile, stagionale, annuale) [i.e. tabella con tutti i valori presente in Appendice A-B-C]

La **devianza** misura la discrepanza tra valori osservati e previsti: valori bassi indicano migliore adattamento. Il modello lineare presenta devianze estremamente elevate in tutte le granularità temporali. Il modello Poisson mostra devianze inferiori ma comunque elevate, mentre il Binomiale Negativo dimostra la migliore performance con devianze drasticamente inferiori.

L' **R² e pseudo-R² di McFadden** forniscono una metrica intuitiva di bontà di adattamento. Il modello lineare mostra valori di R² apparentemente buoni ma ingannevoli. Il modello Poisson presenta pseudo-R² variabili, mentre il Binomiale Negativo mostra i valori più bassi, riflettendo l'alta variabilità intrinseca dei dati epidemici.

L'**analisi dei residui** ci permette di verificare le assunzioni fondamentali di ciascun modello e identificarne i

punti di forza e di debolezza dei modelli statistici utilizzati, vengono quindi esaminati tre tipi di diagnostiche residue, ognuna delle quali fornisce una lente diversa attraverso cui valutare i modelli:

- Residui Devianza

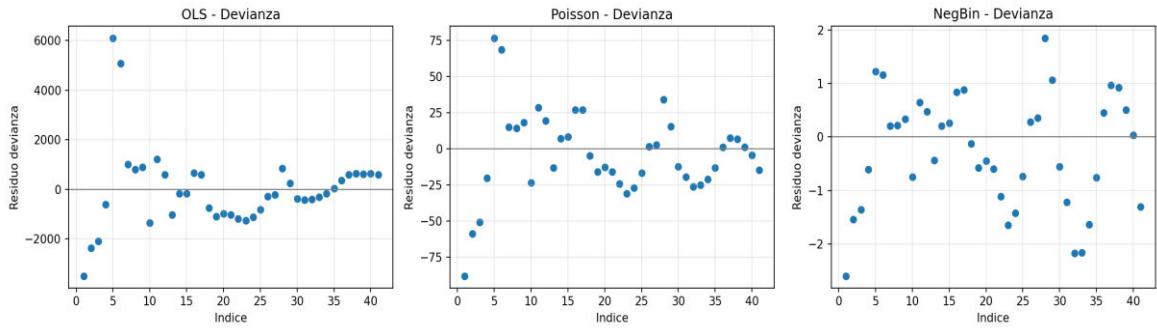


Figura 5, Residui di devianza dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto (Mensile)

Su base mensile il modello OLS mostra residui di devianza con ampie oscillazioni tra -3490.85 e 6101.99, indicando un adattamento estremamente povero. Il modello Poisson, sebbene con residui ridotti (range: -87.87 a 90.99), mantiene una variabilità significativa i cui i residui restano ampi e tendono a crescere proprio nei mesi con maggiore intensità epidemica. Il modello Binomiale Negativa presenta residui notevolmente contenuti (range: -2.60 a 2.77), con la maggior parte dei valori entro ± 1.0 che rappresenta un comportamento compatibile con un buon adattamento.

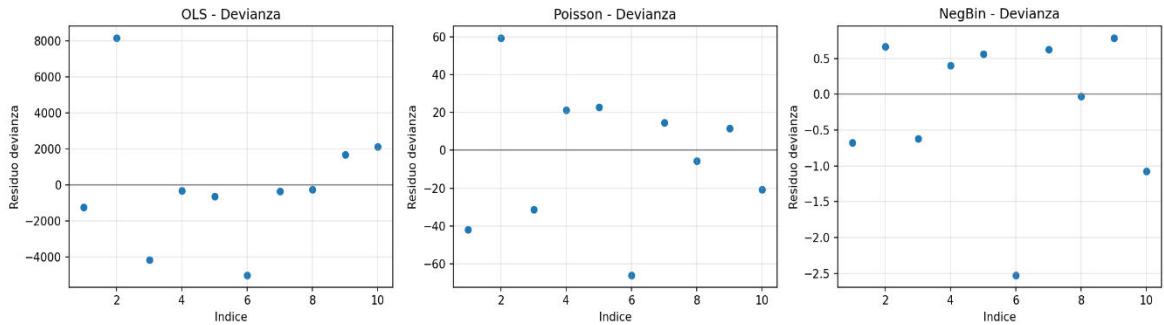


Figura 6, Residui di devianza dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale)

A livello stagionale, il modello OLS continua a mostrare residui estremi (fino a 8159.18), mentre il modello Poisson presenta residui fino a 64.43. Il modello Binomiale Negativa mantiene residui contenuti entro ± 2.53 , dimostrando stabilità attraverso le diverse stagioni.

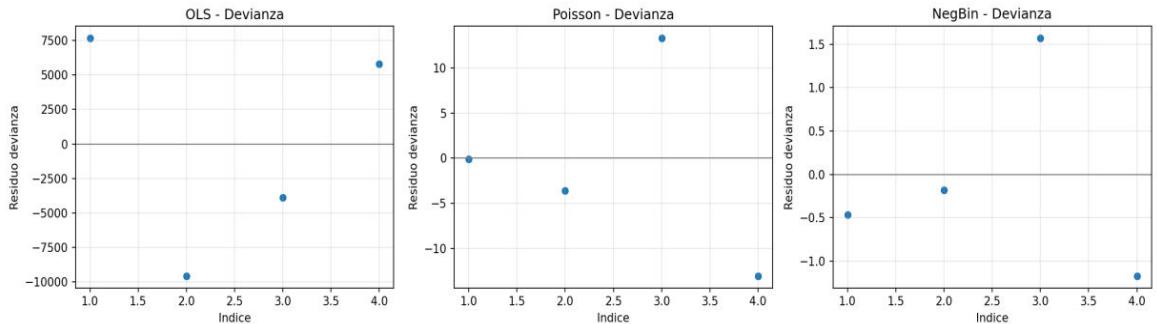


Figura 7, Residui di devianza dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato

esteso (*Annuale*)

Nell'analisi annuale, il modello Binomiale Negativa conferma la sua superiorità con residui di devianza compresi tra -1.17 e 1.57 mantenendo errori contenuti e non strutturati, significativamente inferiori a quelli del modello Poisson (range: -13.07 a 13.33) che evidenzia una persistente sottostima della variabilità e dell'OLS (range: -9585.90 a 7691.80) che mostra residui annuali molto elevati e strutturati.

- Residui di Pearson

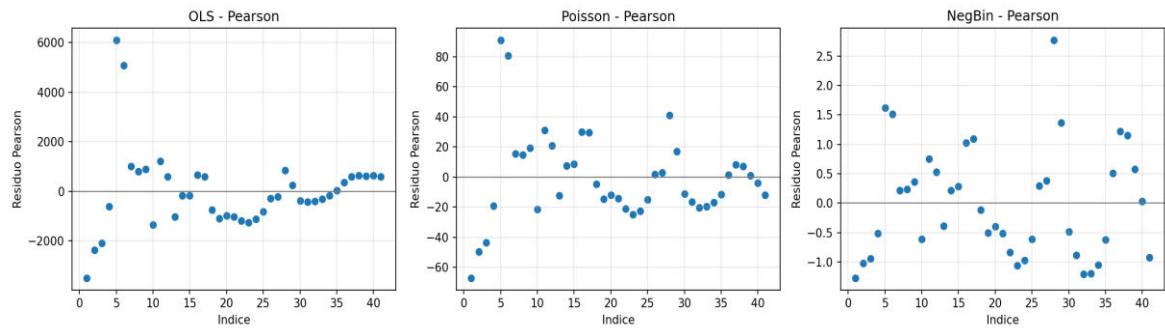


Figura 8, Residui di Pearson dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto (Mensile)

L'analisi mensile dei residui di Pearson per il modello OLS mostrano valori estremi simili a quelli di devianza, confermando il misfit del modello. Il modello Poisson presenta residui tra -67.17 e 90.99 evidenziando una grave sovradispersione, mentre il modello Binomiale Negativa mostra residui notevolmente inferiori (range: -1.77 a 2.77), con distribuzione più simmetrica attorno allo zero

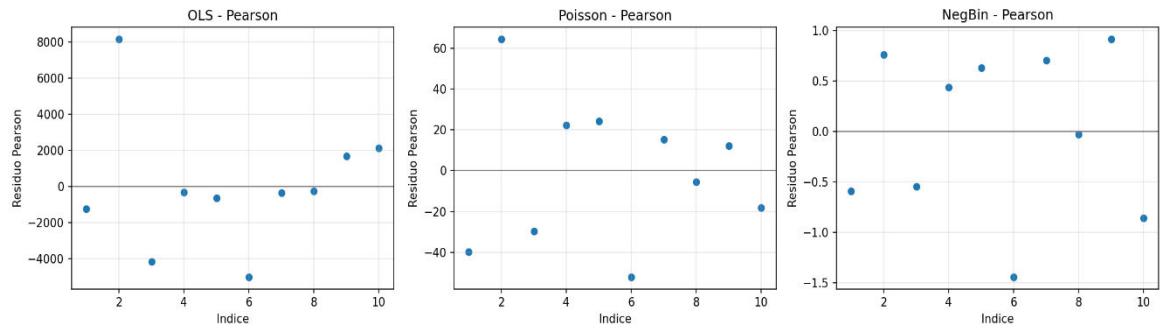


Figura 9, Residui di Pearson dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale)

A livello stagionale, i residui di Pearson del modello Binomiale Negativa rimangono contenuti entro ± 1.44 , a differenza del modello Poisson che raggiunge valori di ± 64.43 e dell'OLS che presenta valori estremi fino a 8159.18.

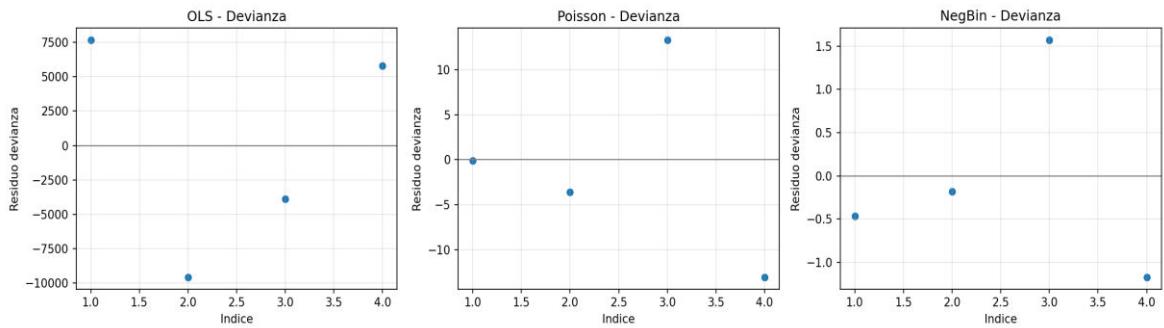


Figura 10, Residui di Pearson dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato esteso (Annuale)

Il modello Binomiale Negativa dimostra ancora una volta la migliore performance con residui di Pearson compresi tra -1.09 e 1.72, mentre gli altri modelli mostrano residui significativamente più ampi

- Grafici Q-Q

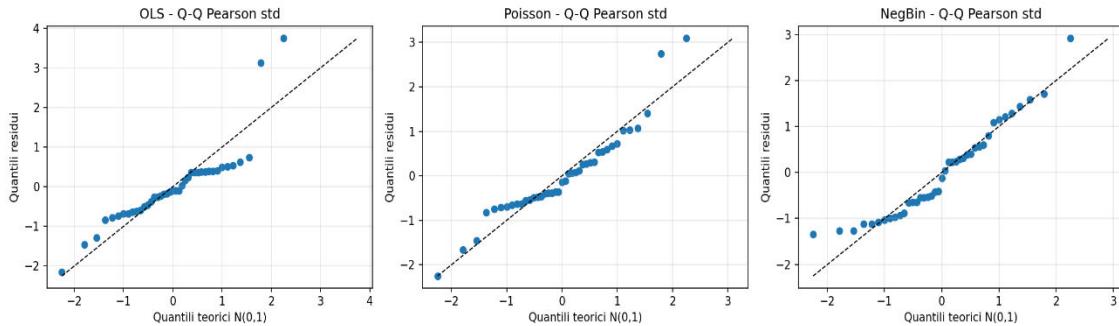


Figura 11, QQ-plot dei residui dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto (Mensile)

Per quanto riguarda l'andamento mensile il grafico Q-Q del modello OLS mostrano forti deviazioni dalla linea teorica, in particolare nelle code. Il modello Poisson presenta un allineamento leggermente migliore ma con evidenti scostamenti sistematici. Il modello Binomiale Negativa mostra il miglior allineamento, con punti che seguono più da vicino la bisettrice ideale, con discrepanze limitate soprattutto nelle code

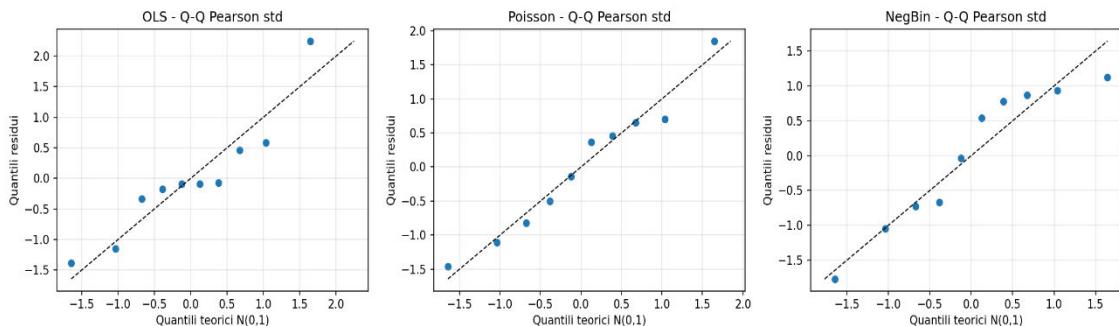


Figura 12, QQ-plot dei residui dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale)

A livello stagionale, il modello OLS conferma le deviazioni più marcate, con valori campionari che raggiungono 2.25 contro un valore teorico atteso di 1.64. Il modello Poisson mostra discrepanze

significative, mentre il modello Binomiale Negativa mantiene un allineamento accettabile, con il punto più estremo a 1.77 contro 1.64 teorico

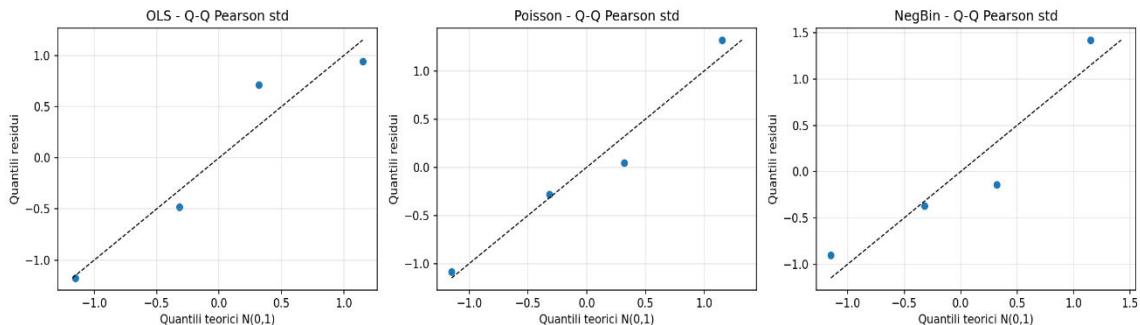


Figura 13. QQ-plot dei residui dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato esteso (Annuale)

Nell'analisi annuale, tutti i modelli mostrano un migliore allineamento a causa del ridotto numero di osservazioni, ma il modello Binomiale Negativa continua a dimostrare la performance più soddisfacente, con punti che si avvicinano maggiormente alla bisettrice

L'analisi congiunta di devianza, pseudo-R² e diagnostica dei residui conferma chiaramente la superiorità del modello Binomiale Negativa. I suoi residui di devianza e Pearson risultano costantemente molto più bassi rispetto agli altri modelli in tutte le scale temporali, indicando una migliore capacità di rappresentare la variabilità dei dati. Anche i grafici Q-Q mostrano un allineamento più vicino alla distribuzione teorica, soprattutto nelle code, un aspetto cruciale nel contesto epidemiologico dove i picchi hanno particolare rilevanza.

Il valore relativamente basso del pseudo-R² non rappresenta una debolezza: riflette piuttosto la capacità del modello di cogliere l'elevata variabilità dei dati senza forzare un adattamento artificiale, a differenza di OLS e Poisson.

In sintesi, tutte le metriche e le verifiche diagnostiche convergono nel mostrare che la Binomiale Negativa è il modello più robusto e appropriato per dati di conteggio caratterizzati da sovradispersione

3.2.3 - Validazione predittiva (MAE, Errore Relative Percentuale)

Le performance predittive sono state valutate per misurare la capacità dei modelli di generalizzare oltre i dati utilizzati per l'addestramento. A tal fine sono state considerate due metriche: il **Mean Absolute Error (MAE)**, che quantifica l'errore medio assoluto delle previsioni, e l'**errore percentuale relativo**, utile per confrontare le prestazioni anche quando le grandezze previste variano in modo significativo tra i periodi. Sebbene fosse stata inizialmente considerata la validazione incrociata, questa è stata poi esclusa perché i risultati variavano solo marginalmente rispetto alla semplice suddivisione sui periodi temporali analizzati. Le metriche predittive ottenute, pur evidenziando differenze contenute tra i modelli, confermano quanto osservato nelle analisi di adattamento: tutti i modelli mostrano prestazioni comparabili sul breve periodo,

mentre emergono divergenze più marcate nei dati aggregati annuali

Modello	MAE_m	ErrPerc_m	MAE_s	ErrPerc_s	MAE_y	ErrPerc_y
OLS	20,49	8,54%	93,45	1,52%	190,46	112,12%
Poisson	22,86	9,06%	64,63	1,04%	187,91	99,44%
Binomiale Negativa	22,95	9,02%	69,71	1,15%	188,92	102,43%

Tabella 8, Performance predittiva dei modelli: MAE ed errore percentuale relativo dei tre modelli nelle diverse granularità temporali (mensile, stagionale, annuale) [i.e. tabella con tutti i valori presente in Appendice D-E-F]

Su base mensile, tutti i modelli presentano valori di MAE molto simili (tra 20 e 23), con errori percentuali compresi tra l'8% e il 9%. Sebbene l'OLS registri il MAE più basso, tale risultato va interpretato con cautela, dato che il modello non rispetta le assunzioni di base per dati di conteggio, mentre Poisson e Binomiale Negativa ottengono prestazioni quasi sovrapponibili, con differenze marginali. Nel complesso, la scala mensile smorza le differenze strutturali tra i modelli, rendendo le prestazioni predittive relativamente omogenee.

Nell'analisi stagionale, il modello Poisson ottiene il MAE più basso (64,63), seguito dalla Binomiale Negativa (69,71) e dall'OLS (93,45). Tuttavia, l'errore percentuale del Poisson (1,04%) è solo di poco inferiore a quello degli altri modelli, suggerendo che il vantaggio in accuratezza assoluta non si traduce in un reale miglioramento nella precisione relativa. In questa granularità, la maggiore stabilità dei dati aggregati favorisce Poisson, nonostante le sue criticità strutturali riscontrate nelle analisi di adattamento.

A livello annuale, si osserva un netto peggioramento di tutte le metriche. I MAE salgono notevolmente, attestandosi attorno a 188-190, mentre gli errori percentuali superano ampiamente il 99%, raggiungendo il 112,12% nel caso dell'OLS. Ciò riflette la difficoltà dei modelli nel generalizzare su orizzonti temporali più ampi e con dati fortemente aggregate a causa della ridotta numerosità dei dati e della forte influenza dei picchi epidemici. Le differenze predittive annuali confermano che, su periodi altamente aggregati, la capacità dei modelli di catturare la variabilità dei dati si riduce drasticamente.

In sintesi, le metriche predittive mostrano una certa uniformità tra modelli su scala mensile, differenze più nette su scala stagionale e un generale peggioramento su scala annuale. Il modello Poisson mostra una leggera superiorità a livello stagionale, mentre la Binomiale Negativa mantiene un comportamento più stabile e affidabile in tutte le granularità, nonostante MAE lievemente più alti in alcuni contesti. Nonostante ciò, i risultati predittivi non smentiscono le analisi di bontà di adattamento, dove la Binomiale Negativa resta il modello più coerente e affidabile per descrivere la variabilità intrinseca dei dati di conteggio sovradispersi

3.3 – Diagnostica dei modelli

Prima di interpretare i risultati dei modelli, è necessario verificarne l'adeguatezza statistica attraverso un insieme di diagnostiche. In questo capitolo vengono analizzate: l'eteroschedasticità dei residui, I residui di devianza, Pearson (per identificare pattern non spiegati dal modello) e grafici Q-Q (per analizzare distribuzione dei residui standardizzati e range di variabilità), segni di overdispersione. Queste verifiche mirano a determinare se le assunzioni dei modelli sono rispettate, se esistono problemi di specificazione e quale modello si comporti meglio non solo in termini di criteri informativi (AIC/BIC), ma anche in termini di aderenza strutturale ai dati.

3.3.1 - Diagnostica e verifica delle assunzioni (sovradispersione, eteroschedasticità)

La fase di diagnostica rappresenta un passaggio fondamentale per validare l'adeguatezza dei modelli statistici applicati. Nel caso specifico dell'analisi epidemiologica, le principali assunzioni da verificare riguardano la sovradispersione e l'eteroschedasticità, poiché la natura dei dati di conteggio tende a violare frequentemente queste ipotesi.

Per quanto riguarda la **verifica della sovradispersione**, esistono diversi metodi complementari per valutarla come il rapporto di Pearson χ^2 oppure il test di Lagrange Multiplier. In questo elaborato è stata condotta principalmente attraverso il rapporto tra la devianza residua e i gradi di liberà (**rapporto devianza/df**), per la sua larga diffusione in letteratura epidemiologica, la sua robustezza e la facilità di interpretazione. I risultati ottenuti vengono riportati nella seguente tabella:

Modello	Dev_m	Disp_m	Dev_s	Disp_s	Dev_y	Disp_y
Lineare	4861,81	2056,44	424654,51	27398,97	5246067,9	103036,97
Poisson	10,01	4,25	276,47	18,91	6283,63	124,37
Binomiale Negativa	3,05	1,36	17,75	1,26	48,09	1,17

Tabella 9, Devianza residua e rapporto devianza/df per ciascun modello e granularità temporale, usati per la valutazione della sovradispersione

L'analisi dei risultati conferma la marcata presenza di sovradispersione per i modelli Lineare e Poisson in tutte le granularità temporali, in particolare il modello lineare presenta valori estremamente elevati di devianza e dispersione, con rapporti devianza/df di ordini di grandezza superiori a 1, indicando una grave violazione delle assunzioni e una forte inadeguatezza per dati di conteggio. Il modello di Poisson riduce drasticamente la devianza rispetto all'OLS, ma i rapporti devianza/df rimangono molto superiori all'unità (4.25 in scala mensile, 18.91 in scala stagionale, 124.37 in scala annuale), rivelando una sovradispersione

marcata che rende il modello non appropriato nelle granularità più ampie. Per quanto riguarda invece il modello Binomiale Negativo mostra valori di dispersione prossimi all'unità in tutte le granularità (1.36, 1.26, 1.17), indicando che il modello cattura adeguatamente la variabilità dei dati grazie all'introduzione del parametro di dispersione.

Sulla base di questa verifica, il modello binomiale negativo emerge come quello più conforme agli assunti e strutturalmente adeguato, mentre Poisson mostra una sottostima sistematica della varianza e OLS risulta completamente inadatto alla natura dei dati

L'analisi dell'**eteroschedasticità** costituisce un passaggio essenziale nella valutazione della validità dei modelli statistici richiede che la varianza dei residui rimanga costante lungo tutto il range delle variabili indipendenti. La violazione di questa assunzione comporta stime inefficienti dei coefficienti, intervalli di confidenza distorti e test di ipotesi inaffidabili. La verifica è stata condotta attraverso due livelli complementari:

1. Analisi grafica

Utile a fornire una prima evidenza visiva immediata del soddisfacimento dell'ipotesi di omoschedasticità. Tale analisi è stata condotta usando due tipologie di grafico, ovvero:

- **Scatterplot (Residui vs Fitted)**

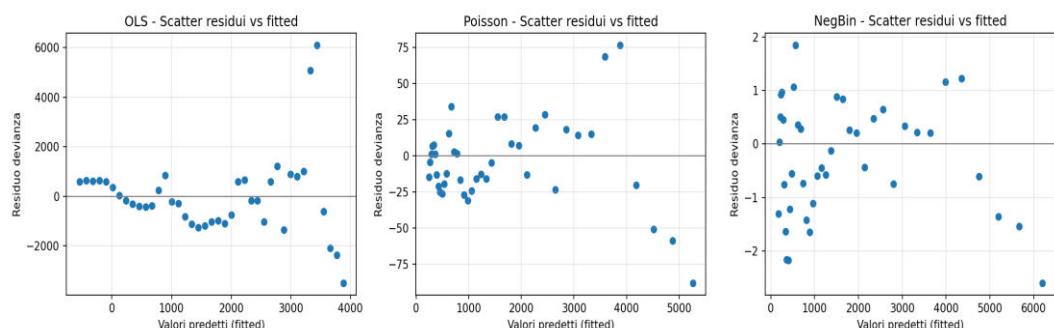


Figura 14, Scatterplot residui vs valori predetti (fitted) dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto (Mensile)

Nel periodo mensile, per il modello OLS mostra un evidente pattern a imbuto, con residui che aumentano all'aumentare dei valori stimati. Per quanto riguarda invece il modello di Poisson presenta una dispersione non costante dei residui, sebbene meno marcata rispetto all'OLS. In fine, per il modello Binomiale negativa i residui appaiono distribuiti in modo omogeneo, senza pattern sistematici

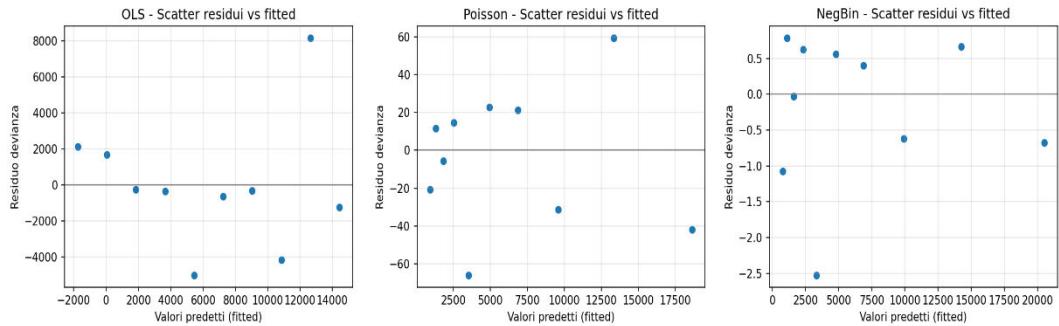


Figura 15, Scatterplot residui vs valori predetti (fitted) dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale)

Su base stagionale, per il modello OLS il pattern a imbuto è meno evidente rispetto al periodo mensile, ma permane una chiara variabilità non costante. Per quanto riguarda invece il modello di Poisson dispersione moderatamente variabile, con residui più ampi nelle stagioni con valori maggiori. In fine, per il modello Binomiale negativa residui distribuiti in modo uniforme

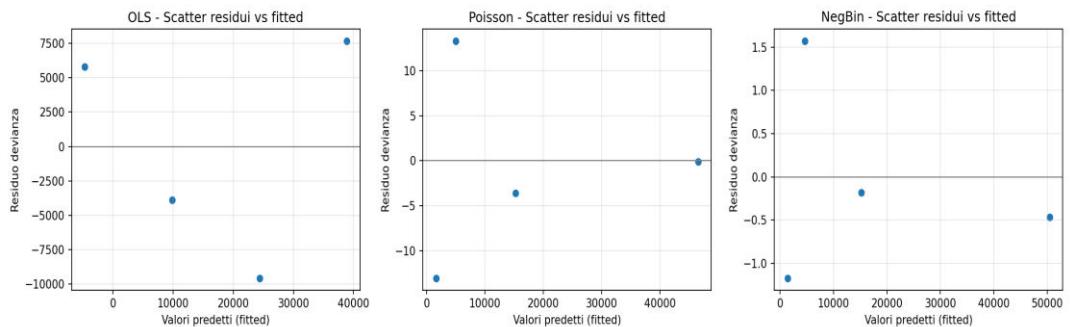


Figura 16, Scatterplot residui vs valori predetti (fitted) dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato esteso (Annuale)

A livello annuale, tutti i modelli mostrano residui graficamente più regolari a causa del numero ridotto di osservazioni. Nonostante ciò, OLS e Poisson evidenziano ancora una leggera crescita della varianza residua, mentre Binomiale Negativa mantiene una distribuzione più stabile.

- **Scale-location plot**

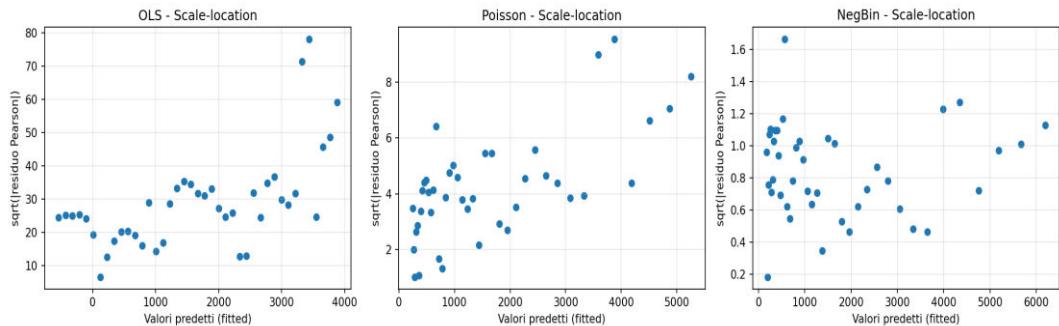


Figura 17, Scale-location plot, radice quadrata dei residui standardizzati in funzione dei valori predetti, dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto

(Mensile)

Nel periodo mensile, per il modello OLS a curva evidenzia un aumento progressivo della varianza. Per quanto riguarda invece il modello di Poisson andamento non lineare e variabilità crescente per valori più alti. In fine, per il modello Binomiale negativa linea quasi piatta

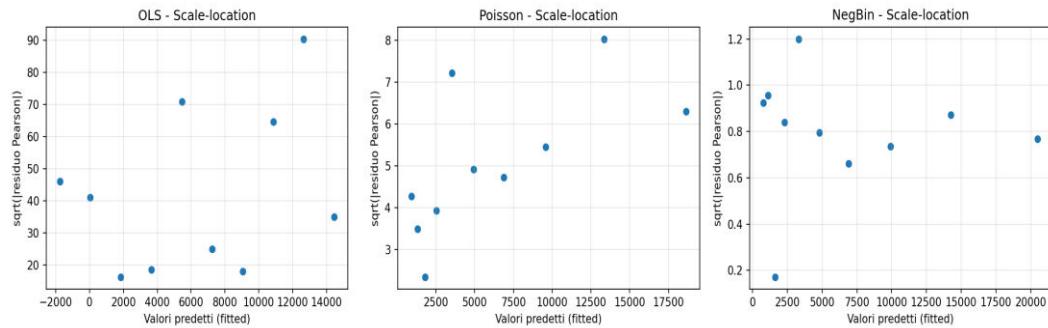


Figura 18, Scale-location plot, radice quadrata dei residui standardizzati in funzione dei valori predetti, dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale)

Su base stagionale, per il modello OLS variazioni irregolari della varianza. Per quanto riguarda invece il modello di Poisson pattern instabile con residui più grandi nelle stagioni ad alta intensità. In fine, per il modello Binomiale negativa andamento regolare e privo di pattern

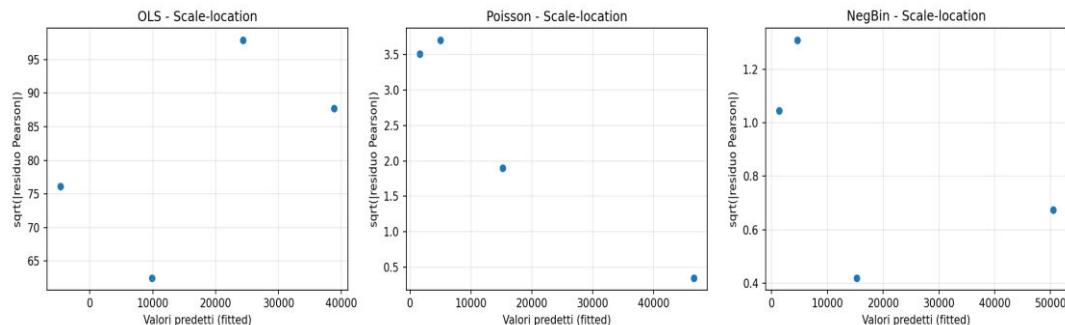


Figura 19, Scale-location plot, radice quadrata dei residui standardizzati in funzione dei valori predetti, dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato esteso (Annuale)

A livello annuale, per i modelli OLS e Poisson mostrano leggere variazioni nella dispersione, ma difficili da interpretare con pochi punti. In fine, il modello Binomiale negativa mantiene una varianza visivamente stabile

2. Test di Breush-Pagan

Rappresenta un test formale che valuta se la varianza dei residui sia funzione lineare della covariante, utile per una conferma quantitativa e oggettiva dell'evidenza grafica

Il modello OLS e Poisson rifiutano l'ipotesi nulla di omoschedasticità ($p\text{-value} < 0,05$), mentre il Binomiale Negativo la conferma ($p\text{-value} = 0,7$).

Modello	LM_stat	LM_pvalue	F_stat	F_pvalue
---------	---------	-----------	--------	----------

OLS	7,45	0,01	8,66	0,005
Poisson	9,91	0,002	12,43	0,001
Binomiale Negativa	0,14	0,7	0,13	0,71

Tabella 10, test di Breusch-Pagan, a supporto della verifica formale dell'eteroschedasticità, dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato ristretto (Mensile)

A livello stagionale, nessun modello mostra eteroschedasticità statisticamente significativa, sebbene il Poisson si avvicini alla soglia di significatività.

Modello	LM_stat	LM_pvalue	F_stat	F_pvalue
OLS	1,76	185	1,7	0,23
Poisson	3,32	0,67	3,97	0,08
Binomiale Negativa	0,42	0,52	0,35	0,57

Tabella 11, test di Breusch-Pagan, a supporto della verifica formale dell'eteroschedasticità, dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo calibrato (Stagionale)

Nell'analisi annuale, tutti i modelli soddisfano l'ipotesi di omoschedasticità, con p-value ben superiori alla soglia di significatività.

Modello	LM_stat	LM_pvalue	F_stat	F_pvalue
OLS	1,42	0,23	1,1	0,4
Poisson	2, 89	0,09	5,23	0,15
Binomiale Negativa	1,29	0,25	0,96	0,43

Tabella 12, test di Breusch-Pagan, a supporto della verifica formale dell'eteroschedasticità, dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa - Intervallo non calibrato esteso (Annuale)

Attraverso analisi grafiche e test formali, emerge che Il modello OLS mostra la più marcata eteroschedasticità, specialmente a livello mensile, con un evidente pattern a imbuto nei grafici e conferma statistica ai test di Breusch-Pagan ($p = 0,01$). Anche il modello Poisson viola l'ipotesi di omoschedasticità, particolarmente a livello mensile ($p = 0,002$), sebbene con residui di minore ampiezza. Al contrario, il modello Binomiale Negativo mantiene residui uniformemente distribuiti e test non significativi in tutte le granularità temporali ($p \geq 0,25$), dimostrando piena aderenza all'ipotesi di omoschedasticità.

Mentre le differenze sono più evidenti a livello mensile e si attenuano con l'aggregazione annuale, il modello Binomiale Negativo si conferma l'unico a soddisfare consistentemente le assunzioni di omoschedasticità, rafforzandone l'appropriatezza per l'analisi di dati epidemiologici di conteggio in presenza di sovradispersione

3.3.2 - Risultati dei modelli (lineare classico, Poisson, binomiale negativa)

L'analisi comparativa dei tre modelli statistici applicati ai dati epidemiologici di conteggio ha rivelato differenze sostanziali nelle loro performance e nell'adeguatezza metodologica, con implicazioni importanti per la corretta interpretazione dei fenomeni epidemici.

Il **modello lineare classico**, pur essendo semplice e spesso utilizzato come punto di riferimento, mostra alcuni limiti quando applicato a dati di conteggio. A livello mensile presenta valori apparentemente buoni di AIC/BIC (35,44 e 34,33) e un R^2 elevato (0,65), ma questi risultati mascherano problemi strutturali. Le devianze risultano estremamente elevate in tutte le granularità, passando da 4.861,81 (mensile) a oltre 5 milioni in quella annuale, mentre i residui di devianza possono superare ± 6000 . Anche la diagnostica è coerente con un cattivo adattamento: i grafici residui-fitted mostrano un marcato pattern a imbuto e il test di Breusch–Pagan conferma eteroschedasticità ($p = 0,01$ a livello mensile).

Le prestazioni predittive peggiorano con l'aggregazione temporale: il MAE passa da 20,49 (mensile) a 190,46 (annuale), con un errore percentuale che oltrepassa il 112%. Nel periodo stagionale, OLS sembra performare leggermente meglio grazie a una maggiore stabilità dei dati ($R^2 = 0,68$), ma la devianza rimane altissima (424.654,51), segno che l'apparente adattamento è solo superficiale. I residui mantengono ampiezze elevate e un comportamento non casuale.

Il **modello di Poisson**, pur essendo teoricamente più appropriato per dati di conteggio, ha rivelato limiti fondamentali nel gestire la sovradispersione tipica dei dati epidemici. I criteri di informazione mostrano valori estremamente elevati, soprattutto nelle granularità più ampie (AIC = 7347,22 a livello stagionale, 6026,89 a livello annuale), riflettendo un adattamento insufficiente. La devianza cresce rapidamente con l'aggregazione (10,01 mensile → 276,47 stagionale → 6.283,63 annuale) e i residui risultano ampi, raggiungendo ± 66 nel periodo stagionale. Lo pseudo- R^2 risulta variabile: 0,34 (mensile), 0,64 (stagionale), 0,43 (annuale). La diagnostica conferma criticità importanti: il test di Breusch–Pagan è significativo nei dati mensili ($p = 0,002$), segnalando eteroschedasticità, e i QQ-plot mostrano deviazioni sistematiche nelle code, indicazione di un adattamento non corretto. Da un punto di vista predittivo, il modello si comporta meglio sul periodo stagionale (MAE = 64,63, il più basso tra i tre), ma l'errore percentuale annuale rimane molto elevato (99,44%). Nel periodo stagionale Poisson dà la sua miglior performance relativa (pseudo- $R^2 = 0,64$), e il MAE risulta il più basso fra i modelli. Tuttavia, la devianza rimane consistente (276,47) e i residui ampi, evidenziando che il miglioramento è solo relativo alla grave sottostima della varianza che caratterizza le altre granularità.

Il **modello Binomiale Negativo** emerge come il modello più robusto e metodologicamente corretto in tutte le condizioni analizzate. Grazie al parametro di dispersione, il modello gestisce efficacemente la sovradispersione e mostra i migliori valori di AIC, specialmente nelle granularità più ampie (AIC annuale = 547,74, nettamente inferiore rispetto agli altri modelli). La devianza è di ordini di grandezza inferiore

rispetto agli altri modelli: 3,05 a livello mensile, 17,75 a livello stagionale e 48,09 a livello annuale. Anche i residui risultano molto ridotti (ad esempio -2,53 / 1,69 nel periodo stagionale), con un allineamento ai QQ-plot nettamente superiori. Lo pseudo-R² è inferiore agli altri modelli (0,28 mensile, 0,31 stagionale, 0,17 annuale), ma questo riflette il fatto che la Binomiale Negativa non forza un adattamento artificiale dei dati e rappresenta onestamente l'alta variabilità del fenomeno epidemiologico.

I test di Breusch-Pagan risultano sempre non significativi ($p \geq 0,25$), confermando l'assenza di eteroschedasticità e una maggiore stabilità dei residui. Le performance predittive sono coerenti e stabili: il MAE resta vicino agli altri modelli (22,95 mensile; 69,71 stagionale; 188,92 annuale), senza esplosioni dell'errore percentuale. Nel periodo stagionale la Binomiale Negativa mostra la combinazione più equilibrata di tutte le metriche e questa granularità mette particolarmente in luce la capacità del modello di rappresentare correttamente la variabilità degli andamenti epidemici.

La progressione dei risultati attraverso le diverse scale temporali ha evidenziato come l'adeguatezza del modello dipenda criticamente dal livello di aggregazione dei dati. Mentre a livello mensile le differenze apparivano meno marcate, nelle aggregazioni stagionale e annuale – dove la sovradispersione diventa più pronunciata – è stata rilevata la superiorità del modello Binomiale Negativo, che non solo ha dimostrato performance statistiche superiori, ma ha anche prodotto stime biologicamente plausibili e metodologicamente corrette, rappresentando la scelta ottimale per l'analisi di dati epidemiologici di conteggio caratterizzati da eterogeneità e variabilità intrinseca.

3.4 – Analisi interpretativa dei risultati

I risultati presentati forniscono una chiara evidenza empirica a supporto della tesi centrale di questo lavoro: la calibrazione temporale dell'intervallo di analisi è un fattore determinante per l'accuratezza predittiva dei modelli di regressione applicati ai dati di mortalità da COVID-19, in misura spesso superiore alla scelta del modello statistico stesso. Il confronto tra i tre scenari temporali – stagionale calibrato, mensile non calibrato e annuale non calibrato – rivela il cosiddetto "fenomeno dell'errore 1%–10%–100%". Più nel dettaglio

Scenario Calibrato: Intervalli Stagionali

Nei periodi stagionali, tutti e tre i modelli (OLS, Poisson, Binomiale Negativa) tutti e tre i modelli mostrano prestazioni eccellenti producendo errori percentuali estremamente bassi, attestandosi intorno all'1-1,5% riflettendo una corrispondenza quasi perfetta tra andamento osservato e andamento previsto. Questo risultato è in linea con i lavori di Roccetti et al. (2024, 2025), che hanno dimostrato come una segmentazione intelligente del periodo di analisi, allineata alle dinamiche epidemiche stagionali, consenta di ottenere previsioni altamente accurate. È rilevante notare che: la regressione lineare, nonostante le note limitazioni teoriche sui dati di conteggio, risulta sorprendentemente accurata; a regressione di Poisson conferma la sua solidità in assenza di eventi di super-spreading e con varianza moderata; la Binomiale Negativa, pur essendo

teoricamente la scelta più robusta in presenza di sovradispersione, non produce miglioramenti significativi rispetto agli altri due modelli.

In questo scenario, la differenza tra i tre modelli è statisticamente minima. La ragione è strutturale: il fenomeno epidemiologico osservato (mortalità stagionale da Omicron) è intrinsecamente regolare, privo di picchi violenti e caratterizzato da dinamiche stagionali stabili. La calibrazione temporale consente dunque ai modelli di catturare efficacemente la struttura del segnale

Scenario Non Calibrato Ristretto: Intervalli Mensili

Quando i modelli sono stati applicati a intervalli ristretti non calibrati, gli errori percentuali sono aumentati significativamente, raggiungendo circa il 9-10%. Le principali criticità emerse consistono nella possibilità di “perdere” porzioni di curve epidemiche, come un picco incipiente o una discesa ripida, perché l’intervallo è troppo breve per rappresentare l’intero ciclo stagionale, aumento della varianza residua e l’instabilità dei parametri stimati in corrispondenza di settimane anomale o outliers. Questo deterioramento delle prestazioni indica che finestre temporali troppo ristrette e arbitrarie possono catturare solo frammenti dei cicli di trasmissione, portando a stime instabili e meno affidabili. È interessante notare che in questo scenario le differenze tra i modelli si sono attenuate, con il modello lineare che a volte ha mostrato performance competitive o addirittura leggermente migliori, sfidando il consenso della letteratura che tende a sconsigliarlo per dati di conteggio (Bracher et al., 2021; Ioannidis et al., 2022). Tuttavia, a regressione Binomiale Negativa tende a mostrare una lieve superiorità nei mesi con maggiore variabilità, mentre la regressione lineare può risultare più instabile anche se le differenze restano molto inferiori rispetto al peso esercitato dalla scelta dell’intervallo temporale

Scenario Non Calibrato Esteso: Intervalli Annuali

L’applicazione dei modelli di regressione a intervalli annuali arbitrari determina un collasso totale delle prestazioni, con errori relativi che raggiungono anche il 100%. Ciò dimostra che l’utilizzo di finestre temporali troppo ampie, che aggregano fasi epidemiche eterogenee (periodi di picco, periodi di plateau, asi discendenti, fasi ascendenti, variazioni legate a sottovarianti diverse, ognuna con dinamiche proprie), rende i modelli incapaci di cogliere le dinamiche sottostanti, producendo previsioni che, sebbene possano preservare il trend generale, sono del tutto inaffidabili in termini di precisione numerica.

La diagnostica dei modelli ha ulteriormente confermato questi risultati. Il modello Binomiale Negativo si è distinto come il più robusto nel gestire la sovradispersione e nel mantenere l’omoschedasticità dei residui attraverso tutte le scale temporali, giustificando il suo ampio utilizzo in letteratura per dati di conteggio epidemici (Held et al., 2020; Ray et al., 2023). Tuttavia, il suo vantaggio relativo è emerso in modo preminente proprio negli scenari più problematici (mensile e annuale non calibrati), mentre nello scenario stagionale calibrato la sua superiorità è stata meno marcata.

In sintesi, questa analisi interpretativa sostiene che il dibattito metodologico in epidemiologia non dovrebbe focalizzarsi esclusivamente sulla selezione del modello più sofisticato, ma dovrebbe integrare sistematicamente una riflessione sul significato epidemiologico della finestra temporale di analisi. Questo scenario conferma che nessun modello statistico può superare l'assenza di un'adeguata segmentazione epidemiologica del tempo. La calibrazione temporale non è un semplice affinamento tecnico, ma un prerequisito fondamentale per trasformare la potenza matematica dei modelli di regressione in conoscenza epidemiologica affidabile e azionabile.

4 – Conclusioni

Questo capitolo finale ha l'obiettivo di sintetizzare i risultati empirici emersi dalla ricerca, di discuterne le implicazioni sia per la pratica epidemiologica che per la metodologia statistica, di riconoscerne i limiti intrinseci e di delineare possibili percorsi per futuri sviluppi di indagine. In particolare, vengono discussi gli effetti della calibrazione temporale, del modello statistico adottato, e vengono analizzati i principali punti di forza e criticità dello studio. Il capitolo introduce inoltre i limiti dell'analisi e propone le possibili direzioni future di approfondimento, offrendo una visione complessiva del contributo scientifico raggiunto.

4.1 – Sintesi dei risultati

I risultati emersi dall'analisi dei tre modelli — regressione lineare, regressione di Poisson e regressione binomiale negativa — delineano un quadro coerente: la performance predittiva non dipende solo, e nemmeno principalmente, dalla forma matematica del modello, ma soprattutto da come il tempo viene segmentato in fase di analisi. Il confronto fra scenari stagionali calibrati, mensili non calibrati e annuali non calibrati mostra che la stessa famiglia di modelli può passare da una previsione estremamente accurata a una sostanzialmente inaffidabile, a seconda dell'intervallo temporale considerato. Questo porta a identificare due risultati chiave: il ruolo centrale della stagionalità e la relativa marginalità della scelta del modello, a parità di calibrazione temporale.

4.1.1 – Primo risultato chiave: il ruolo della stagionalità

Il risultato più significativo di questa ricerca è la dimostrazione empirica che la calibrazione temporale basata sulla stagionalità epidemiologica è il fattore principale che governa l'accuratezza predittiva dei modelli. L'analisi comparativa dei diversi scenari temporali ha rivelato un pattern inequivocabile e graduale, che abbiamo definito il "fenomeno 1%-10%-100%".

Quando i modelli sono applicati a intervalli calibrati (stagionali), definiti secondo dinamiche epidemiche e non il calendario civile, le prestazioni raggiungono livelli di eccellenza in cui i tre modelli producono previsioni estremamente accurate. L'errore relativo medio sulle previsioni di mortalità si colloca intorno all'1–1,5%, con scostamenti minimi tra un modello e l'altro. In questo contesto, le previsioni dei modelli si allineano quasi perfettamente con i dati osservati, indipendentemente dalla complessità del modello stesso. Questo suggerisce che un intervallo di analisi biologicamente significativo, che cattura un ciclo epidemico completo, permette allo strumento statistico di esprimere il suo massimo potenziale.

Al contrario, utilizzando intervalli non calibrati ristretti (mensili), l'accuratezza peggiora sensibilmente perché il modello osserva solo una “fetta” del ciclo stagionale. Finestre temporali arbitrarie e troppo ristrette rischiano di catturare solo una fase transitoria del ciclo epidemico che può corrispondere a una fase di salita, di discesa oppure a un plateau. In questo caso, gli errori aumentano sensibilmente, attestandosi intorno al 8–

10%, e i parametri risultano più instabili, introducendo un bias sistematico e rendendo le stime instabili. L'applicazione dei modelli su intervalli non calibrati estesi (annuali) porta a un vero e proprio collasso predittivo. All'interno dello stesso periodo coesistono fasi epidemiologiche molto diverse quindi costituite da fasi epidemiche profondamente eterogenee (picchi, discese, periodi di quiete relativa). I modelli non sono più in grado di discernere il segnale epidemiologico dal rumore portando l'errore anche al 100%, rendendo le previsioni di fatto inutilizzabili ai fini decisionali.

L'andamento degli errori può essere sintetizzato nel fenomeno che, per semplicità, abbiamo definito “1%–10%–100%”. Questa progressione non è un artefatto numerico, ma riflette la quantità di informazione epidemiologica effettivamente disponibile al modello, e cioè:

- nella scala stagionale, l'intero ciclo dell'epidemia è contenuto all'interno della finestra di osservazione
- nella scala mensile, la finestra intercetta solo una porzione del ciclo, perdendo il senso complessivo della dinamica
- nella scala annuale, il modello “vede” troppe fasi diverse sovrapposte e finisce per restituire una media che non rappresenta adeguatamente nessuna di esse

In sintesi, il primo risultato chiave è che la calibrazione temporale ha un effetto dominante sulla qualità delle stime. A parità di modello, passare da una finestra calibrata a una non calibrata significa perdere uno o più ordini di grandezza in accuratezza. Questo suggerisce che, in epidemiologia, la domanda “qual è il modello migliore?” non può essere separata dalla domanda “su quale intervallo di tempo lo stiamo applicando?”, e ciò implica che la scelta del “quando” analizzare i dati è tanto cruciale quanto la scelta del “come” analizzarli.

4.1.2 – Secondo risultato chiave: la marginalità della scelta del modello

Il secondo risultato fondamentale è che, nel contesto di questa analisi, la scelta specifica del modello di regressione ha un impatto marginale sull'accuratezza predittiva finale, soprattutto se confrontato con l'effetto della calibrazione temporale.

Le prestazioni dei modelli nei tre scenari possono essere lette come una funzione congiunta di due fattori: struttura intrinseca del fenomeno (stagionale, con picchi moderati e ricorrenti e modalità di aggregazione temporale allineata o meno a questa struttura). Nei periodi stagionali calibrati, tutti e tre i modelli si adattano al comportamento stagionale del virus; nei periodi mensili e annuali, invece, la segmentazione temporale spezza o sovrappone i cicli, compromettendo la qualità della previsione. Una volta fissato un intervallo temporale epidemiologicamente sensato, il confronto tra i modelli rivela un risultato in parte controidintuitivo: le differenze tra le tre regressioni prese in analisi diventano relativamente marginali, soprattutto nello scenario stagionale calibrato.

In presenza di intervalli stagionali la regressione lineare fornisce previsioni molto precise, nonostante le sue note limitazioni teoriche con i dati di conteggio, quella di Poisson mostra una buona aderenza, grazie alla coerenza tra struttura di conteggio e natura dei dati, mentre la regressione binomiale negativa pur essendo il modello più flessibile in presenza di sovradispersione, non mostra un vantaggio sostanziale quando la variabilità non è estrema e i picchi non sono violenti. Negli scenari mensili e annuali, l'ordine di grandezza dell'errore cresce per tutti e tre i modelli, e le differenze tra loro, pur presenti, rimangono comunque molto meno marcate del salto indotto dalla diversa segmentazione del tempo.

Per chiarire visivamente questo aspetto, è utile rappresentare le **curve teoriche** dei tre modelli a confronto con la curva osservata, almeno in uno scenario rappresentativo.

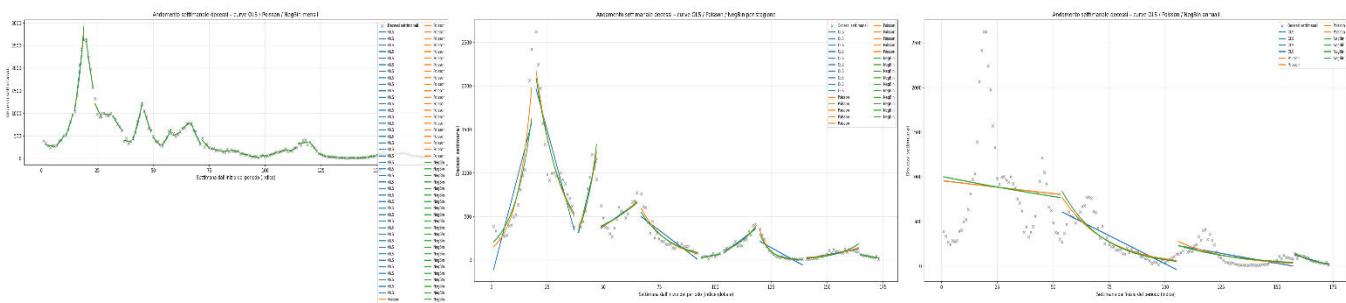


Tabella 13, Curve teoriche dei modelli Lineare, Poisson Binomiale Negativa per tutte le granularità temporali

Nel caso **stagionale calibrato** (grafico centrale), le tre curve dei modelli tendono quasi a sovrapporsi e seguono con sorprendente precisione i picchi e le discese osservate. La vicinanza tra le linee mostra come, quando l'intervallo temporale è allineato ai cicli epidemiologici, la struttura del fenomeno guidi naturalmente l'andamento della previsione, rendendo la scelta del modello relativamente meno rilevante. In altre parole, il comportamento del virus “traina” i modelli verso una forma coerente e simile.

Nello scenario **mensile non calibrato** (grafico a sinistra), le tre curve mantengono ancora una buona coerenza reciproca, ma iniziano a discostarsi visibilmente dalla curva reale, sottostimando alcuni picchi e smussando eccessivamente le transizioni. Pur utilizzando tre modelli differenti — dalla regressione lineare, teoricamente meno adatta, alla Binomiale Negativa, più flessibile — il risultato rimane qualitativamente simile: tutti e tre reagiscono allo spezzettamento artificiale della stagionalità.

quadro più evidente emerge nello scenario **annuale** (grafico a destra). Qui le curve dei tre modelli diventano quasi indistinguibili tra loro: una singola linea inclinata che appiattisce completamente le oscillazioni osservate. La segmentazione annuale comprime dinamiche molto diverse in un unico blocco, annullando la stagionalità e portando i modelli a produrre previsioni generiche e poco informative. Il modello scelto, in questo contesto, risulta quasi irrilevante: i trend annuali tirano tutti verso lo stesso andamento lineare

Questa analisi multilivello porta quindi al secondo risultato chiave: in un contesto ben calibrato, la scelta del modello è molto meno decisiva della scelta dell'intervallo di osservazione.

Mentre la scelta di un modello teoricamente appropriato come la Binomiale Negativa è consigliabile per la

robustezza statistica e la correttezza inferenziale, questa ricerca dimostra che i guadagni previsionali ottenuti passando da un modello all'altro sono di un ordine di grandezza inferiore a quelli ottenuti semplicemente calibrando intelligentemente il periodo di analisi.

4.2 – Riflessioni finali

Questa sezione approfondisce in che misura la scelta del modello statistico influenzi la qualità delle previsioni, mettendo a confronto regressione lineare, Poisson e binomiale negativa nelle diverse granularità temporali. Particolare attenzione viene posta alla distinzione tra gli effetti attribuibili alla struttura del modello e quelli invece determinati dalla segmentazione temporale dell'analisi offrendo, così, un'interpretazione critica dei risultati, esplorandone il profondo significato epidemiologico per la sorveglianza e la pianificazione sanitaria, nonché le importanti implicazioni metodologiche per la pratica della modellistica statistica, con un'enfasi sul concetto di "Intelligenza Temporale".

4.2.1 – Significato epidemiologico dei risultati

I risultati di questo studio hanno profonde conseguenze per la pratica epidemiologica, sottolineando che i modelli operano all'interno di un fenomeno epidemiologico strutturato. Essi pongono l'accento sulla necessità di una profonda comprensione del fenomeno epidemiologico sottostante prima di applicare qualsiasi strumento quantitative. Un modello statistico rappresenta uno strumento per dialogare con i dati.

Per la pratica epidemiologica, questo implica che la costruzione di modelli predittivi efficaci richiede di partire dalla comprensione della dinamica della malattia, e solo in un secondo momento dalla scelta dello strumento statistico. Per i sistemi di sorveglianza ciò significa che, se si usano intervalli non calibrati, le previsioni rischiano di essere molto imprecise, con conseguenti decisioni subottimali in termini di risorse e interventi. Identificare e monitorare le stagioni epidemiche specifiche di un patogeno permette di:

- Rilevare precocemente l'inizio di un'ondata con maggiore accuratezza;
- Stimare il picco atteso e il carico sul sistema sanitario con un margine di errore ridotto;
- Valutare l'impatto di un intervento (es. una campagna vaccinale) in un arco di tempo definito e pertinente.

Alla luce di questi risultati, per una pratica epidemiologica più robusta, si raccomanda di: validare i modelli su intervalli con significato epidemiologico, e quindi prima di implementare un modello per le decisioni, verificarne le prestazioni in intervalli temporalmente significativi; evitare l'uso di finestre arbitrarie quando l'obiettivo è la precisione predittiva; progettare la segmentazione temporale in funzione dei cicli epidemiologici. La modellazione dovrebbe quindi essere pensata a partire dal fenomeno (es. stagionalità, picchi, varianti), piuttosto che a partire dal modello.

4.2.2 – Implicazioni metodologiche per la modellistica statistica

Oltre alla rilevanza epidemiologica, questo lavoro offre una nuova prospettiva sul piano metodologico, in cui emerge chiaramente che la modellistica richiede non solo competenza tecnica, ma anche capacità di leggere il contesto.

I dati non sono solo numeri, ma portano con sé una dimensione temporale che ne determina il significato. Ignorare questa dimensione, o trattarla come una semplice variabile continua, significa privare i dati del loro contesto più importante. L"**"Intelligenza Temporale"**, ovvero la capacità di segmentare e interpretare il tempo in modo epidemiologicamente informato, emerge come una competenza metodologica cruciale, pari alla conoscenza delle tecniche statistiche.

Le principali lezioni apprese da questo studio sono quindi:

- Il contesto è dominante: nessun modello è intrinsecamente “buono” se il periodo è sbagliato. La bontà di un modello dipende dal suo allineamento con la realtà che intende descrivere, non solo dalla sua eleganza matematica
- Semplicità e Significato: anche modelli semplici possono funzionare molto bene se incastonati in un intervallo coerente. In contesti ben definiti, modelli semplici (come la regressione lineare) possono performare in modo eccellente, sfidando il paradigma "più complesso è, meglio è"
- Verifica della robustezza temporale: la segmentazione del tempo è parte integrante della specificazione del modello. La valutazione di un modello dovrebbe includere test sulla sua stabilità in diverse finestre temporali, non solo la bontà di adattamento su un unico dataset

Questo studio è un invito a un utilizzo più consapevole e umano-centrico degli strumenti predittivi. L'analista non è un semplice esecutore di procedure, ma un interprete che deve fondere la competenza quantitativa con la comprensione del fenomeno in cui l'accuratezza delle previsioni dipende tanto dal modello quanto dal modo in cui segmentiamo e interpretiamo il tempo. La lezione finale è l'imperativo della contestualizzazione che non rappresenta un correttivo opzionale, ma un requisito metodologico fondamentale.

4.2.3 – Conclusioni

Il presente lavoro contribuisce ad ampliare e ridefinire criticamente le conclusioni della letteratura precedente, mostrando che la scelta del modello statistico — pur importante — non rappresenta il principale determinante dell'accuratezza predittiva quando si analizzano dati di mortalità da COVID-19 nella fase Omicron/post-Omicron.

Il risultato più rilevante emerso dallo studio è che l'accuratezza dei modelli dipende in misura preponderante

dalla calibrazione temporale dell’intervallo di analisi, più che dalla complessità del modello utilizzato. La comparazione sistematica delle tre scale temporali (mensile, stagionale, annuale) ha prodotto una regolarità sorprendente, qui definita come fenomeno dell’errore 1%–10%–100% (stagionale – mensile – annuale). Questa evidenza, mostra che l’efficacia delle regressioni non deriva automaticamente dalla struttura matematica del modello, ma dalla coerenza tra finestra temporale e fenomeno epidemiologico analizzato.

Risultato empirico di questo elaborato consiste quindi nell’aver dimostrato che:

- La regressione lineare può risultare sorprendentemente competitiva, e talvolta migliore della Poisson, solo quando applicata entro finestre calibrate
- La regressione di Poisson e la Binomiale Negativa non garantiscono automaticamente prestazioni superiori. Quando applicate a “strascico” (i.e. su intervalli temporali non segmentati) possono generare un’illusione di analisi robusta mentre, in realtà, produce previsioni con un’affidabilità molto variabile e spesso inaccettabile per scopi decisionali. La regressione Binomiale Negativa si conferma, come atteso, il modello più robusto nel gestire la sovradispersione, ma il suo vantaggio relativo emerge con chiarezza soprattutto negli scenari problematici (non calibrati), mentre si attenua in quelli ottimali

In altre parole, la qualità della segmentazione temporale domina la scelta del modello, che diventa un fattore secondario

Questi risultati modificano sostanzialmente il modo di interpretare la modellazione epidemiologica: la scelta del modello deve essere subordinata alla comprensione del contesto temporale, non viceversa.

In questo senso, l’elaborato propone un paradigma alternativo: l’intelligenza temporale come prerequisito della modellazione per la validità e l’utilità operativa di qualsiasi modello predittivo, a prescindere dalla sua complessità matematica

4.3 – Limiti e sviluppi futuri

Questa sezione conclude il lavoro riconoscendo apertamente i limiti dello studio, principalmente legati alla generalizzabilità geografica, alla granularità dei dati e alla scelta delle variabili, e quindi discute gli aspetti migliorabili dello studio, sia sul piano dei dati sia su quello metodologico, proponendo una serie di direzioni concrete per future ricerche che possano costruire su queste fondamenta.

4.3.1 – Limiti del presente studio

Come ogni ricerca, questo lavoro presenta aspetti migliorabili e limiti che è doveroso riconoscere, legati principalmente ai dati e alla metodologia, che possono essere riportati di seguito:

- **Limiti Geografici e di Generalizzabilità:** Lo studio è stato condotto esclusivamente su dati italiani.

Pattern stagionali, varianti virali dominanti e risposte di sanità pubblica possono variare in altri contesti nazionali o regionali, potendo influenzare la trasferibilità dei risultati;

- **Granularità e Qualità dei Dati:** L'utilizzo di dati aggregati a livello nazionale e su base settimanale potrebbe mascherare eterogeneità sub-regionali e dinamiche a più alta frequenza. Inoltre, la qualità dei dati (es. sotto-notifica dei casi in fase endemica) rimane una fonte di potenziale bias;
- **Set di Variabili e Fattori Confondenti:** L'analisi ha considerato un set essenziale di predittori. Fattori come la mobilità umana, il preciso stato immunitario della popolazione (infezioni pregresse e dosi vaccinali) o dati meteo-climatici più dettagliati potrebbero catturare parte della variabilità attribuita alla dimensione temporale;
- **Definizione delle Stagioni Epidemiche:** Sebbene basata su un solido lavoro precedente, la segmentazione temporale adottata contiene un elemento di discrezionalità. Metodi alternativi di periodizzazione potrebbero essere esplorati

In conclusione, questi limiti non invalidano i risultati ottenuti, ma indicano chiaramente le aree in cui ulteriori dati, livelli di granularità più elevati o approcci statistici più complessi potrebbero arricchire l'analisi e migliorare la comprensione del fenomeno epidemico.

4.3.2 Direzioni future di ricerca

I limiti citati al capitolo precedente disegnano naturalmente il percorso per approfondimenti futuri e aprono la strada a potenziali estensioni della ricerca, che potrebbero includere:

- **Analisi Multi-Livello e Cross-Nazionale:** Estendere il framework metodologico a dati regionali per indagare l'eterogeneità interna a un paese, e replicare l'analisi in diverse nazioni per testare la robustezza del "fenomeno 1%-10%-100%" su scale geografiche e epidemiologiche differenti;
- **Integrazione di Fonti Dati Innovative:** Arricchire i modelli con dati di mobilità (da dispositivi mobili), di genomica virale (per tracciare le varianti) e di immunità di popolazione, per disaccoppiare l'effetto della stagionalità da quello di altri driver epidemici;
- **Sviluppo di Algoritmi di Segmentazione Temporale:** Ricercare e validare metodi data-driven (ad esempio, tecniche di *change-point analysis* o di clustering temporale) per identificare automaticamente e in modo riproducibile l'inizio e la fine delle stagioni epidemiche;
- **Estensione ad Altri Patogeni e Outcome:** Verificare se il principio della calibrazione temporale come fattore primario sia valido per altre malattie infettive a andamento stagionale (es. influenza, VRS) e per altri outcome (es. tassi di ospedalizzazione);
- **Prospettive di Integrazione con Modelli Avanzati:** Esplorare l'interazione tra calibrazione temporale e tecniche di modellazione più complesse, come i modelli additivi generalizzati (GAM) per catturare non linearità, o i modelli bayesiani gerarchici per incorporare esplicitamente la struttura temporale nei prior, o ancora l'uso di reti neurali ricorrenti.

In conclusione, questo studio non intende chiudere il dibattito sulla modellazione epidemiologica, ma piuttosto aprirlo a una dimensione spesso trascurata: quella del tempo come variabile contestuale e non solo metrica. I risultati sollecitano un cambio di prospettiva, in cui la sofisticazione statistica sia al servizio di una comprensione più profonda della dinamica delle malattie, e in cui l'"Intelligenza Temporale" diventi una competenza standard per l'epidemiologo e il data scientist del futuro. Le direzioni future qui abbozzate ambiscono a contribuire a questo fecondo cammino di ricerca.

Bibliografia

1. World Health Organization. (2023). Tracking SARS-CoV-2 variants. <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
2. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). (2020-2024). COVID-19 situation updates and threat assessments. Retrieved from <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/situation-updates>
3. Andrews, N., Stowe, J., Kirsebom, F., Toffa, S., Rickeard, T., Gallagher, E., ... & Lopez Bernal, J. (2022). Covid-19 vaccine effectiveness against the Omicron (B.1.1.529) variant. *New England Journal of Medicine*, 386(16), 1532–1546.
4. Cele, S., Jackson, L., Khoury, D. S., Khan, K., Moyo-Gwete, T., Tegally, H., ... & Sigal, A. (2022). Omicron extensively but incompletely escapes Pfizer BNT162b2 neutralization. *Nature*, 602(7898), 654–656.
5. Konings, F., Perkins, M. D., Kuhn, J. H., ... & Van Kerkhove, M. D. (2021). SARS-CoV-2 Variant classifications and definitions. *Nature Microbiology*, 6, 1188–1195.
6. Nyberg, T., Ferguson, N. M., Nash, S. G., Webster, H. H., Flaxman, S., Andrews, N., ... & Thelwall, S. (2022). Comparative risk of hospitalisation and death with Omicron vs Delta. *The Lancet*, 399(10332), 1303–1312.
7. Wolter, N., Jassat, W., Walaza, S., Welch, R., Moultrie, H., Groome, M., ... & Cohen, C. (2022). Clinical severity of the Omicron variant in South Africa. *The Lancet*, 399(10323), 437–446.
8. Cameron, A. C., & Trivedi, P. K. (2013). Regression analysis of count data (2nd ed.). Cambridge University Press.
9. Lawless, J. F. (1987). Negative binomial and mixed Poisson regression. *Canadian Journal of Statistics*, 15(3), 209–225.
10. Hilbe, J. M. (2011). Negative binomial regression (2nd ed.). Cambridge University Press.
11. McCullagh, P., & Nelder, J. A. (1989). Generalized linear models (2nd ed.). Chapman & Hall.
12. Nelder, J. A., & Wedderburn, R. W. M. (1972). Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society: Series A*, 135(3), 370–384.
13. Ioannidis, J. P. A., Cripps, S., & Tanner, M. A. (2022). Forecasting for COVID-19 has failed. *Epidemiology*, 33(4), 533–544.
14. Roccati, M., De Rosa, E. (2024). A segmented linear regression study of seasonal profiles of COVID-19 deaths in Italy (2021–2024). SSRN Working Paper.
15. Roccati, M., Cacciapuoti, G. (2025). Beyond the gold standard: Linear regression and Poisson GLM yield identical mortality trends for COVID-19 in Italy (2021–2025). SSRN Working Paper.
16. Held, L., Bracher, J., & Fritz, S. (2020). Best practices in forecasting COVID-19 mortality: An overview. *Statistical Modelling*, 21(1-2), 5–24.
17. Wang, Y., Wang, L., & Li, Y. (2022). A comparative study of statistical models for predicting COVID-19 outbreaks. *Journal of Data Science*, 20(3), 345–362.
18. Chowell, G., Dahal, S., Tariq, A., & Roosa, K. (2023). A comparative analysis of statistical methods for forecasting infectious disease outbreaks. *Epidemics*, 42, 100670.
19. Viana, R., Moyo, S., Amoako, D. G., ... & de Oliveira, T. (2022). Rapid epidemic expansion of the SARS-CoV-2 Omicron variant in Southern Africa. *Nature*, 603, 679–686.
20. Pearl, J. (2009). Causality: Models, reasoning, and inference. Cambridge University Press.

21. Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). Modeling infectious diseases in humans and animals. Princeton University Press.
22. Ashoor, D., et al. (2022). How concerning is a SARS-CoV-2 variant of concern? Comparing WHO, CDC, and ECDC criteria. *Frontiers in Public Health*, 10, 915312.
23. Held, L., Hens, N., O'Neill, P. D., & Wallinga, J. (2020). Handbook of infectious disease data analysis. Chapman & Hall/CRC.
24. Chowell, G. (2017). Fitting dynamic models to epidemic outbreaks with quantified uncertainty. *Infectious Disease Modelling*, 2(3), 379–398.
25. Bracher, J., Wolfram, D., Deusel, J., Görgen, K., Ketterer, J. L., Ullrich, A., ... & Held, L. (2021). A pre-registered short-term forecasting study of COVID-19 in Germany and Poland during the second wave. *International Journal of Forecasting*, 37(4), 1495–1506.
26. Bracher, J., Ray, E. L., Gneiting, T., & Reich, N. G. (2021). Evaluating epidemic forecasts during the COVID-19 pandemic. *International Journal of Forecasting*, 38(2), 529–544.
27. Ray, E. L., Reich, N. G., & Chowell, G. (2023). Advances in infectious disease forecasting: A review of model performance during the COVID-19 pandemic. *Infectious Disease Modelling*, 8, 172–185.
28. Faddy, M. J., Graves, N., & Pettitt, A. N. (2022). Comparisons of statistical distributions for cluster sizes of COVID-19. *BMC Medical Research Methodology*, 22(1), 45.
29. Pearl, J. (2009). *Causality: Models, Reasoning, and Inference*. Cambridge University Press.
30. Wolter, N., Jassat, W., Walaza, S., Welch, R., Moultrie, H., Groome, M., ... & Cohen, C. (2022). Early assessment of the clinical severity of the SARS-CoV-2 omicron variant in South Africa: a data linkage study. *The Lancet*, 399(10323), 437-446.
31. Cameron, A. C., & Trivedi, P. K. (2013). *Regression Analysis of Count Data*. Cambridge University Press.
32. Hilbe, J. M. (2011). *Negative Binomial Regression*. Cambridge University Press.
33. Lawless, J. F. (1987). Negative binomial and mixed Poisson regression. *The Canadian Journal of Statistics*, 15(3), 209–225.
34. Held, L., Hens, N., O'Neill, P., Wallinga, J. (2019). *Handbook of Infectious Disease Data Analysis*. Chapman & Hall/CRC
35. Chan, E. Y., et al. (2021). Seasonal patterns in COVID-19 incidence and mortality: a global analysis. *Science of the Total Environment*, 795, 148–163.
36. Funk, S., et al. (2020). Short-term forecasts of COVID-19 mortality in the UK. *Nature Communications*, 12, 636.
37. Lipsitch, M., et al. (2020). Potential biases in estimating absolute and relative case-fatality risks during outbreaks. *The Lancet Infectious Diseases*, 20(7), e201–e209.
38. Cori, A., Ferguson, N. M., Fraser, C., Cauchemez, S. (2013). A new framework for estimating time-varying reproduction numbers during epidemics. *American Journal of Epidemiology*, 178(9), 1505–1512.
39. Ver Hoef, J. M., Boveng, P. L. (2007). Quasi-Poisson vs. negative binomial regression: how should we model overdispersed count data? *Ecology*, 88(11), 2766–2772.

40. Lawless, J. F. (1987). Negative binomial and mixed Poisson regression. *Canadian Journal of Statistics*, 15(3), 209–225.
41. Gardner, W., Mulvey, E. P., Shaw, E. C. (1995). Regression analyses of counts and rates: Poisson, overdispersed Poisson and negative binomial models. *Psychological Bulletin*, 118(3), 392-404.
42. McCullagh, P., Nelder, J. (1989). *Generalized Linear Models* (2nd Ed.). Chapman & Hall.
43. Agresti, A. (2015). *Foundations of Linear and Generalized Linear Models*. John Wiley & Sons.
44. Hyndman, R. J., Athanasopoulos, G. (2021). *Forecasting: Principles and Practice*. OTexts.
45. Altizer, S., Dobson, A., Hosseini, P., Hudson, P., Pascual, M., & Rohani, P. (2006). Seasonality and the dynamics of infectious diseases. *Ecology Letters*, 9(4), 467–484.
46. Viboud, C., Bjørnstad, O. N., Smith, D. L., Simonsen, L., Miller, M. A., & Grenfell, B. T. (2006). Synchrony, waves, and spatial hierarchies in the spread of influenza. *Science*, 312(5772), 447–451.

Appendici

Appendice A – info mensili

month	AIC_OLS	BIC_OLS	LogLik_OLS	Deviance_O LS	DevPerDF_O LS	R2_OLS	AIC_Poiss
1	-52.77	-56.77	28.39				11.8
2	51.05	50.27	-23.52	3572.7	1190.9	0.24	53.8
3	39.25	38.02	-17.63	1573.8	786.9	0.93	40.06
4	36.41	35.18	-16.2	772.7	386.35	0.99	38.14
5	65.02	64.24	-30.51	58425.1	19475.03	0.97	126.3
6	41.91	40.68	-18.96	3060.3	1530.15	0.99	45.86
7	52.78	51.55	-24.39	46321.2	23160.6	0.55	78.69
8	41.52	40.29	-18.76	2773.8	1386.9	0.01	41.74
9	45.34	44.56	-20.67	1141.9	380.63	0.98	48.22
10	44.41	43.18	-20.2	5708.7	2854.35	0.09	49.96
11	53.42	52.64	-24.71	5738.3	1912.77	0.98	54.35
12	46.0	44.77	-21.0	8496.3	4248.15	0.93	47.38
13	39.52	38.3	-17.76	1684.3	842.15	0.9	38.62
14	55.61	54.83	-25.8	8893.9	2964.63	0.88	69.67
15	43.82	42.59	-19.91	4928.2	2464.1	0.34	45.55
16	39.05	37.82	-17.52	1495.2	747.6	0.85	39.75
17	52.9	52.12	-24.45	5175.1	1725.03	0.96	61.8
18	47.17	45.95	-21.59	11404.2	5702.1	0.58	65.95
19	31.6	30.37	-13.8	232.2	116.1	0.82	33.68
20	50.27	49.49	-23.14	3058.7	1019.57	0.0	57.16
21	32.56	31.33	-14.28	295.2	147.6	0.54	33.43
22	30.86	29.63	-13.43	193.2	96.6	0.7	31.55
23	41.32	40.54	-18.66	510.4	170.13	0.54	45.38
24	36.48	35.25	-16.24	787.5	393.75	0.0	41.26
25	26.49	25.26	-11.24	64.7	32.35	0.97	29.99
26	48.85	48.07	-22.43	2302.4	767.47	0.35	51.9
27	36.57	35.34	-16.28	804.3	402.15	0.84	36.52
28	57.19	56.41	-26.59	12196.8	4065.6	0.03	77.28
29	29.59	28.37	-12.8	140.7	70.35	0.99	35.98
30	23.28	22.05	-9.64	29.0	14.5	0.99	29.73
31	31.85	31.07	-13.92	76.8	25.6	0.7	32.92
32	13.78	12.55	-4.89	2.7	1.35	0.6	21.33
33	24.23	23.0	-10.11	36.8	18.4	0.4	25.01
34	23.04	22.26	-9.52	13.2	4.4	0.84	27.69
35	29.36	28.13	-12.68	132.8	66.4	0.72	30.3
36	36.84	35.61	-16.42	861.0	430.5	0.53	38.93
37	45.02	44.23	-20.51	1069.2	356.4	0.13	46.55
38	33.14	31.91	-14.57	341.5	170.75	0.38	33.42
39	29.05	27.82	-12.52	122.7	61.35	0.91	30.59
40	27.89	27.11	-11.95	34.8	11.6	0.92	32.46

41	-116.89	-119.51	60.45	0.0		1.0	14.04
-----------	---------	---------	-------	-----	--	-----	-------

Appendice B – info stagionali

season	AIC_OLS	BIC_OLS	LogLik_OLS	Deviance_OLS	DevPerDF_OLS	R2_OLS	AIC_Poisson	I
1	265.39	267.17	-130.7	2135826.8	133489.18	0.69	929.29	9
2	258.4	260.18	-127.2	1448246.97	90515.44	0.75	810.72	8
3	117.39	117.79	-56.7	156178.93	22311.28	0.81	328.24	3
4	209.98	211.64	-102.99	181973.99	12131.6	0.43	516.46	5
5	313.29	315.8	-154.64	223218.91	9300.79	0.71	502.75	5
6	77.32	77.72	-36.66	1819.96	259.99	0.45	94.81	9
7	157.46	158.88	-76.73	24364.11	1874.16	0.81	174.67	11
8	222.49	224.48	-109.25	65016.5	3612.03	0.68	171.62	11
9	215.49	217.84	-105.74	9434.0	428.82	0.74	367.85	3
10	65.04	65.44	-30.52	464.96	66.42	0.76	69.95	7

Appendice C – info annuali

year	AIC_OLS	BIC_OLS	LogLik_OLS	Deviance_OLS	DevPerDF_OLS	R2_OLS	AIC_Poisson	I
1	834.23	838.17	-415.12	19720902.11	386684.36	0.01	19829.79	1
2	656.0	659.91	-326.0	849065.74	16981.31	0.69	2832.97	2
3	618.84	622.74	-307.42	415489.83	8309.8	0.36	3562.87	3
4	129.67	131.21	-62.83	2413.93	172.42	0.88	145.1	1

Appendice D – valutazione modelli mensili

week	month	decessi_reali	pred_Ols	pred_Poisson	pred_NegBin	mae_Ols	mae_Poisson	mae_Neg
1	1.0	387.0	387.0	387.0	387.0	0.0	0.0	0.0
2	2.0	334.0	301.6	302.0	301.2	32.4	32.0	32.8
3	2.0	270.0	291.1	290.9	290.52	21.1	20.9	20.52
4	2.0	240.0	280.6	280.21	280.22	40.6	40.21	40.22
5	2.0	285.0	270.1	269.91	270.28	14.9	15.09	14.72
6	2.0	274.0	259.6	259.99	260.7	14.4	14.01	13.3

7	3.0	285.0	296.3	301.57	301.44	11.3	16.57	16.44
8	3.0	390.0	361.1	356.01	355.95	28.9	33.99	34.05
9	3.0	402.0	425.9	420.28	420.32	23.9	18.28	18.32
10	3.0	497.0	490.7	496.15	496.34	6.3	0.85	0.66
11	4.0	521.0	506.1	521.63	521.43	14.9	0.63	0.43
12	4.0	636.0	658.2	643.34	643.25	22.2	7.34	7.25
13	4.0	810.0	810.3	793.45	793.51	0.3	16.55	16.49
14	4.0	970.0	962.4	978.59	978.89	7.6	8.59	8.89
15	5.0	1035.0	1065.8	1155.61	1116.26	30.8	120.61	81.26
16	5.0	1392.0	1486.7	1447.87	1420.51	94.7	55.87	28.51
17	5.0	2066.0	1907.6	1814.05	1807.68	158.4	251.95	258.32
18	5.0	2419.0	2328.5	2272.83	2300.39	90.5	146.17	118.61
19	5.0	2626.0	2749.4	2847.64	2927.39	123.4	221.64	301.39
20	6.0	2622.0	2616.2	2644.63	2647.91	5.8	22.63	25.91
21	6.0	2244.0	2273.9	2244.55	2245.35	29.9	0.55	1.35
22	6.0	1974.0	1931.6	1905.0	1903.99	42.4	69.0	70.01
23	6.0	1571.0	1589.3	1616.81	1614.52	18.3	45.81	43.52
24	7.0	1327.0	1213.6	1218.92	1207.54	113.4	108.08	119.46
25	7.0	981.0	1108.2	1102.77	1099.63	127.2	121.77	118.63
26	7.0	917.0	1002.8	997.69	1001.36	85.8	80.69	84.36
27	7.0	997.0	897.4	902.62	911.87	99.6	94.38	85.13
28	8.0	1002.0	980.7	980.7	980.68	21.3	21.3	21.32
29	8.0	964.0	977.9	977.9	977.89	13.9	13.9	13.89
30	8.0	939.0	975.1	975.1	975.1	36.1	36.1	36.1
31	8.0	1001.0	972.3	972.3	972.32	28.7	28.7	28.68
32	9.0	924.0	932.8	940.88	941.21	8.8	16.88	17.21
33	9.0	877.0	854.5	850.22	850.36	22.5	26.78	26.64
34	9.0	755.0	776.2	768.29	768.27	21.2	13.29	13.27
35	9.0	708.0	697.9	694.26	694.11	10.1	13.74	13.89
36	9.0	617.0	619.6	627.36	627.11	2.6	10.36	10.11
37	10.0	380.0	399.6	399.76	399.83	19.6	19.76	19.83
38	10.0	442.0	388.7	388.54	388.57	53.3	53.46	53.43
39	10.0	330.0	377.8	377.65	377.62	47.8	47.65	47.62
40	10.0	381.0	366.9	367.05	366.99	14.1	13.95	14.01
41	11.0	443.0	411.8	456.68	454.35	31.2	13.68	11.35
42	11.0	561.0	604.3	585.2	583.54	43.3	24.2	22.54

43	11.0	819.0	796.8	749.88	749.46	22.2	69.12	69.54
44	11.0	950.0	989.3	960.91	962.57	39.3	10.91	12.57
45	11.0	1211.0	1181.8	1231.33	1236.27	29.2	20.33	25.27
46	12.0	1050.0	1045.8	1060.64	1059.4	4.2	10.64	9.4
47	12.0	924.0	892.1	876.7	876.41	31.9	47.3	47.59
48	12.0	662.0	738.4	724.66	725.03	76.4	62.66	63.03
49	12.0	625.0	584.7	598.99	599.8	40.3	26.01	25.2
50	13.0	485.0	466.8	470.92	470.76	18.2	14.08	14.24
51	13.0	377.0	411.1	406.86	406.82	34.1	29.86	29.82
52	13.0	369.0	355.4	351.52	351.57	13.6	17.48	17.43
53	13.0	302.0	299.7	303.7	303.82	2.3	1.7	1.82
54	14.0	270.0	291.4	305.66	297.56	21.4	35.66	27.56
55	14.0	369.0	373.1	366.75	361.45	4.1	2.25	7.55
56	14.0	469.0	454.8	440.05	439.06	14.2	28.95	29.94
57	14.0	606.0	536.5	528.0	533.33	69.5	78.0	72.67
58	14.0	560.0	618.2	633.53	647.85	58.2	73.53	87.85
59	15.0	546.0	508.1	508.57	509.43	37.9	37.43	36.57
60	15.0	485.0	530.7	530.23	530.54	45.7	45.23	45.54
61	15.0	531.0	553.3	552.82	552.53	22.3	21.82	21.53
62	15.0	606.0	575.9	576.37	575.43	30.1	29.63	30.57
63	16.0	667.0	660.4	661.58	661.54	6.6	5.42	5.46
64	16.0	678.0	701.8	700.63	700.62	23.8	22.63	22.62
65	16.0	771.0	743.2	741.99	742.01	27.8	29.01	28.99
66	16.0	774.0	784.6	785.79	785.84	10.6	11.79	11.84
67	17.0	760.0	759.2	781.71	792.51	0.8	21.71	32.51
68	17.0	613.0	651.3	638.7	642.61	38.3	25.7	29.61
69	17.0	602.0	543.4	521.85	521.07	58.6	80.15	80.93
70	17.0	430.0	435.5	426.38	422.51	5.5	3.62	7.49
71	17.0	312.0	327.6	348.37	342.59	15.6	36.37	30.59
72	18.0	448.0	397.9	402.93	397.8	50.1	45.07	50.2
73	18.0	253.0	342.3	337.1	335.9	89.3	84.1	82.9
74	18.0	315.0	286.7	282.03	283.63	28.3	32.97	31.37
75	18.0	242.0	231.1	235.95	239.49	10.9	6.05	2.51
76	19.0	218.0	220.9	221.44	221.44	2.9	3.44	3.44
77	19.0	216.0	206.3	205.75	205.75	9.7	10.25	10.25
78	19.0	181.0	191.7	191.18	191.18	10.7	10.18	10.18

79	19.0	181.0	177.1	177.63	177.63	3.9	3.37	3.37
80	20.0	184.0	163.6	163.6	163.57	20.4	20.4	20.43
81	20.0	142.0	163.1	163.1	163.09	21.1	21.1	21.09
82	20.0	135.0	162.6	162.6	162.6	27.6	27.6	27.6
83	20.0	199.0	162.1	162.1	162.11	36.9	36.9	36.89
84	20.0	153.0	161.6	161.6	161.63	8.6	8.6	8.63
85	21.0	186.0	176.6	176.82	176.79	9.4	9.18	9.21
86	21.0	156.0	168.2	167.98	167.97	12.2	11.98	11.97
87	21.0	156.0	159.8	159.59	159.6	3.8	3.59	3.6
88	21.0	158.0	151.4	151.61	151.64	6.6	6.39	6.36
89	22.0	104.0	107.6	108.08	108.08	3.6	4.08	4.08
90	22.0	108.0	98.2	97.71	97.71	9.8	10.29	10.29
91	22.0	80.0	88.8	88.34	88.34	8.8	8.34	8.34
92	22.0	82.0	79.4	79.87	79.86	2.6	2.13	2.14
93	23.0	62.0	54.4	56.05	56.58	7.6	5.95	5.42
94	23.0	30.0	46.6	45.68	45.87	16.6	15.68	15.87
95	23.0	43.0	38.8	37.22	37.19	4.2	5.78	5.81
96	23.0	42.0	31.0	30.33	30.15	11.0	11.67	11.85
97	23.0	17.0	23.2	24.72	24.45	6.2	7.72	7.45
98	24.0	50.0	57.5	57.5	57.51	7.5	7.5	7.51
99	24.0	77.0	57.0	57.0	57.0	20.0	20.0	20.0
100	24.0	39.0	56.5	56.5	56.49	17.5	17.5	17.49
101	24.0	61.0	56.0	56.0	55.99	5.0	5.0	5.01
102	25.0	77.0	73.9	75.62	75.64	3.1	1.38	1.36
103	25.0	91.0	92.8	91.14	91.15	1.8	0.14	0.15
104	25.0	106.0	111.7	109.85	109.84	5.7	3.85	3.84
105	25.0	135.0	130.6	132.39	132.37	4.4	2.61	2.63
106	26.0	135.0	143.4	144.15	143.2	8.4	9.15	8.2
107	26.0	149.0	154.6	154.24	153.72	5.6	5.24	4.72
108	26.0	173.0	165.8	165.04	165.01	7.2	7.96	7.99
109	26.0	213.0	177.0	176.6	177.13	36.0	36.4	35.87
110	26.0	159.0	188.2	188.97	190.14	29.2	29.97	31.14
111	27.0	167.0	156.7	158.74	158.75	10.3	8.26	8.25
112	27.0	163.0	185.4	183.42	183.43	22.4	20.42	20.43
113	27.0	228.0	214.1	211.94	211.94	13.9	16.06	16.06
114	27.0	241.0	242.8	244.9	244.88	1.8	3.9	3.88

115	28.0	330.0	334.8	334.9	334.17	4.8	4.9	4.17
116	28.0	292.0	340.8	340.75	340.37	48.8	48.75	48.37
117	28.0	400.0	346.8	346.7	346.69	53.2	53.3	53.31
118	28.0	412.0	352.8	352.75	353.13	59.2	59.25	58.87
119	28.0	300.0	358.8	358.9	359.68	58.8	58.9	59.68
120	29.0	357.0	357.4	365.53	365.85	0.4	8.53	8.85
121	29.0	289.0	293.3	284.77	284.84	4.3	4.23	4.16
122	29.0	239.0	229.2	221.86	221.76	9.8	17.14	17.24
123	29.0	160.0	165.1	172.84	172.66	5.1	12.84	12.66
124	30.0	106.0	108.5	111.48	111.53	2.5	5.48	5.53
125	30.0	92.0	87.5	84.36	84.37	4.5	7.64	7.63
126	30.0	65.0	66.5	63.84	63.83	1.5	1.16	1.17
127	30.0	45.0	45.5	48.32	48.29	0.5	3.32	3.29
128	31.0	38.0	38.8	39.4	39.41	0.8	1.4	1.41
129	31.0	31.0	34.6	34.28	34.28	3.6	3.28	3.28
130	31.0	38.0	30.4	29.82	29.82	7.6	8.18	8.18
131	31.0	25.0	26.2	25.94	25.94	1.2	0.94	0.94
132	31.0	20.0	22.0	22.57	22.56	2.0	2.57	2.56
133	32.0	12.0	12.6	12.64	12.64	0.6	0.64	0.64
134	32.0	12.0	11.7	11.66	11.66	0.3	0.34	0.34
135	32.0	12.0	10.8	10.76	10.76	1.2	1.24	1.24
136	32.0	9.0	9.9	9.94	9.94	0.9	0.94	0.94
137	33.0	4.0	7.2	7.43	7.42	3.2	3.43	3.42
138	33.0	13.0	9.4	9.18	9.18	3.6	3.82	3.82
139	33.0	14.0	11.6	11.35	11.36	2.4	2.65	2.64
140	33.0	11.0	13.8	14.04	14.05	2.8	3.04	3.05
141	34.0	9.0	9.6	10.04	10.04	0.6	1.04	1.04
142	34.0	11.0	12.2	12.0	12.0	1.2	1.0	1.0
143	34.0	17.0	14.8	14.34	14.34	2.2	2.66	2.66
144	34.0	19.0	17.4	17.14	17.14	1.6	1.86	1.86
145	34.0	18.0	20.0	20.48	20.48	2.0	2.48	2.48
146	35.0	24.0	29.2	30.0	29.99	5.2	6.0	5.99
147	35.0	47.0	37.4	36.63	36.63	9.6	10.37	10.37
148	35.0	42.0	45.6	44.74	44.74	3.6	2.74	2.74
149	35.0	53.0	53.8	54.63	54.65	0.8	1.63	1.65
150	36.0	67.0	75.5	76.5	76.24	8.5	9.5	9.24

151	36.0	111.0	89.5	88.53	88.41	21.5	22.47	22.59
152	36.0	86.0	103.5	102.44	102.53	17.5	16.44	16.53
153	36.0	122.0	117.5	118.53	118.9	4.5	3.47	3.1
154	37.0	97.0	89.6	89.76	90.11	7.4	7.24	6.89
155	37.0	98.0	93.6	93.52	93.71	4.4	4.48	4.29
156	37.0	87.0	97.6	97.44	97.44	10.6	10.44	10.44
157	37.0	80.0	101.6	101.52	101.33	21.6	21.52	21.33
158	37.0	126.0	105.6	105.77	105.37	20.4	20.23	20.63
159	38.0	89.0	99.0	99.19	99.17	10.0	10.19	10.17
160	38.0	120.0	105.5	105.31	105.3	14.5	14.69	14.7
161	38.0	113.0	112.0	111.8	111.81	1.0	1.2	1.19
162	38.0	113.0	118.5	118.7	118.72	5.5	5.7	5.72
163	39.0	96.0	100.9	102.64	102.67	4.9	6.64	6.67
164	39.0	94.0	84.8	82.99	83.0	9.2	11.01	11.0
165	39.0	65.0	68.7	67.11	67.1	3.7	2.11	2.1
166	39.0	52.0	52.6	54.26	54.24	0.6	2.26	2.24
167	40.0	51.0	52.8	53.79	53.79	1.8	2.79	2.79
168	40.0	51.0	46.6	46.06	46.06	4.4	4.94	4.94
169	40.0	37.0	40.4	39.45	39.44	3.4	2.45	2.44
170	40.0	35.0	34.2	33.78	33.78	0.8	1.22	1.22
171	40.0	28.0	28.0	28.93	28.92	0.0	0.93	0.92
172	41.0	44.0	44.0	44.0	44.0	0.0	0.0	0.0
173	41.0	13.0	13.0	13.0	13.0	0.0	0.0	0.0

Appendice E - valutazione modelli stagionale

week	season	decessi_reali	pred_Ols	pred_Poisson	pred_NegBin	mae_Ols	mae_Poisson	mae_Neg
1	1.0	387.0	-108.18	152.55	208.3	495.18	234.45	178.7
2	1.0	334.0	-9.09	177.38	235.06	343.09	156.62	98.94
3	1.0	270.0	89.99	206.26	265.27	180.01	63.74	4.73
4	1.0	240.0	189.08	239.83	299.35	50.92	0.17	59.35
5	1.0	285.0	288.17	278.87	337.82	3.17	6.13	52.82
6	1.0	274.0	387.25	324.27	381.23	113.25	50.27	107.23
7	1.0	285.0	486.34	377.05	430.22	201.34	92.05	145.22
8	1.0	390.0	585.43	438.42	485.5	195.43	48.42	95.5

9	1.0	402.0	684.51	509.79	547.89	282.51	107.79	145.89
10	1.0	497.0	783.6	592.77	618.3	286.6	95.77	121.3
11	1.0	521.0	882.69	689.26	697.75	361.69	168.26	176.75
12	1.0	636.0	981.77	801.46	787.41	345.77	165.46	151.41
13	1.0	810.0	1080.86	931.92	888.59	270.86	121.92	78.59
14	1.0	970.0	1179.95	1083.61	1002.77	209.95	113.61	32.77
15	1.0	1035.0	1279.03	1260.0	1131.63	244.03	225.0	96.63
16	1.0	1392.0	1378.12	1465.1	1277.05	13.88	73.1	114.95
17	1.0	2066.0	1477.21	1703.58	1441.15	588.79	362.42	624.85
18	1.0	2419.0	1576.29	1980.88	1626.33	842.71	438.12	792.67
20	2.0	2622.0	1964.27	2170.84	2088.6	657.73	451.16	533.4
21	2.0	2244.0	1869.13	1992.85	1927.59	374.87	251.15	316.41
22	2.0	1974.0	1773.99	1829.46	1779.0	200.01	144.54	195.0
23	2.0	1571.0	1678.84	1679.47	1641.86	107.84	108.47	70.86
24	2.0	1327.0	1583.7	1541.77	1515.3	256.7	214.77	188.3
25	2.0	981.0	1488.56	1415.36	1398.49	507.56	434.36	417.49
26	2.0	917.0	1393.41	1299.32	1290.68	476.41	382.32	373.68
27	2.0	997.0	1298.27	1192.79	1191.18	301.27	195.79	194.18
28	2.0	1002.0	1203.13	1094.99	1099.36	201.13	92.99	97.36
29	2.0	964.0	1107.98	1005.21	1014.61	143.98	41.21	50.61
30	2.0	939.0	1012.84	922.8	936.4	73.84	16.2	2.6
31	2.0	1001.0	917.7	847.14	864.21	83.3	153.86	136.79
32	2.0	924.0	822.55	777.68	797.59	101.45	146.32	126.41
33	2.0	877.0	727.41	713.92	736.11	149.59	163.08	140.89
34	2.0	755.0	632.27	655.39	679.36	122.73	99.61	75.64
35	2.0	708.0	537.12	601.65	626.99	170.88	106.35	81.01
36	2.0	617.0	441.98	552.32	578.66	175.02	64.68	38.34
37	2.0	380.0	346.84	507.04	534.05	33.16	127.04	154.05
39	3.0	330.0	320.47	385.34	352.72	9.53	55.34	22.72
40	3.0	381.0	425.6	445.9	416.25	44.6	64.9	35.25
41	3.0	443.0	530.73	515.98	491.21	87.73	72.98	48.21
42	3.0	561.0	635.87	597.07	579.68	74.87	36.07	18.68
43	3.0	819.0	741.0	690.9	684.09	78.0	128.1	134.91
44	3.0	950.0	846.13	799.47	807.29	103.87	150.53	142.71
45	3.0	1211.0	951.27	925.11	952.69	259.73	285.89	258.31
46	3.0	1050.0	1056.4	1070.5	1124.27	6.4	20.5	74.27

47	3.0	924.0	1161.53	1238.73	1326.75	237.53	314.73	402.75
49	4.0	625.0	366.63	379.05	390.15	258.37	245.95	234.85
50	4.0	485.0	384.89	392.88	403.0	100.11	92.12	82.0
51	4.0	377.0	403.15	407.21	416.27	26.15	30.21	39.27
52	4.0	369.0	421.41	422.07	429.99	52.41	53.07	60.99
53	4.0	302.0	439.67	437.47	444.15	137.67	135.47	142.15
54	4.0	270.0	457.93	453.43	458.78	187.93	183.43	188.78
55	4.0	369.0	476.19	469.97	473.89	107.19	100.97	104.89
56	4.0	469.0	494.45	487.12	489.5	25.45	18.12	20.5
57	4.0	606.0	512.71	504.89	505.62	93.29	101.11	100.38
58	4.0	560.0	530.97	523.31	522.27	29.03	36.69	37.73
59	4.0	546.0	549.23	542.4	539.48	3.23	3.6	6.52
60	4.0	485.0	567.49	562.19	557.24	82.49	77.19	72.24
61	4.0	531.0	585.75	582.7	575.6	54.75	51.7	44.6
62	4.0	606.0	604.0	603.96	594.56	2.0	2.04	11.44
63	4.0	667.0	622.26	626.0	614.14	44.74	41.0	52.86
64	4.0	678.0	640.52	648.84	634.37	37.48	29.16	43.63
65	4.0	771.0	658.78	672.51	655.26	112.22	98.49	115.74
67	5.0	760.0	497.58	591.36	544.7	262.42	168.64	215.3
68	5.0	613.0	478.13	544.74	505.85	134.87	68.26	107.15
69	5.0	602.0	458.67	501.79	469.76	143.33	100.21	132.24
70	5.0	430.0	439.21	462.23	436.25	9.21	32.23	6.25
71	5.0	312.0	419.76	425.79	405.14	107.76	113.79	93.14
72	5.0	448.0	400.3	392.22	376.24	47.7	55.78	71.76
73	5.0	253.0	380.85	361.3	349.4	127.85	108.3	96.4
74	5.0	315.0	361.39	332.81	324.48	46.39	17.81	9.48
75	5.0	242.0	341.94	306.57	301.33	99.94	64.57	59.33
76	5.0	218.0	322.48	282.4	279.84	104.48	64.4	61.84
77	5.0	216.0	303.02	260.14	259.88	87.02	44.14	43.88
78	5.0	181.0	283.57	239.63	241.34	102.57	58.63	60.34
79	5.0	181.0	264.11	220.74	224.12	83.11	39.74	43.12
80	5.0	184.0	244.66	203.33	208.14	60.66	19.33	24.14
81	5.0	142.0	225.2	187.3	193.29	83.2	45.3	51.29
82	5.0	135.0	205.75	172.54	179.5	70.75	37.54	44.5
83	5.0	199.0	186.29	158.93	166.7	12.71	40.07	32.3
84	5.0	153.0	166.83	146.4	154.81	13.83	6.6	1.81

85	5.0	186.0	147.38	134.86	143.77	38.62	51.14	42.23
86	5.0	156.0	127.92	124.23	133.51	28.08	31.77	22.49
87	5.0	156.0	108.47	114.43	123.99	47.53	41.57	32.01
88	5.0	158.0	89.01	105.41	115.14	68.99	52.59	42.86
89	5.0	104.0	69.56	97.1	106.93	34.44	6.9	2.93
90	5.0	108.0	50.1	89.45	99.3	57.9	18.55	8.7
91	5.0	80.0	30.64	82.39	92.22	49.36	2.39	12.22
92	5.0	82.0	11.19	75.9	85.64	70.81	6.1	3.64
94	6.0	30.0	28.71	30.93	31.24	1.29	0.93	1.24
95	6.0	43.0	33.64	34.3	34.57	9.36	8.7	8.43
96	6.0	42.0	38.58	38.03	38.24	3.42	3.97	3.76
97	6.0	17.0	43.51	42.17	42.3	26.51	25.17	25.3
98	6.0	50.0	48.44	46.76	46.8	1.56	3.24	3.2
99	6.0	77.0	53.38	51.85	51.77	23.62	25.15	25.23
100	6.0	39.0	58.31	57.5	57.28	19.31	18.5	18.28
101	6.0	61.0	63.24	63.75	63.36	2.24	2.75	2.36
102	6.0	77.0	68.18	70.69	70.1	8.82	6.31	6.9
104	7.0	106.0	83.22	107.33	110.7	22.77	1.33	4.7
105	7.0	135.0	102.79	117.63	120.85	32.21	17.37	14.15
106	7.0	135.0	122.36	128.92	131.93	12.64	6.08	3.07
107	7.0	149.0	141.93	141.29	144.02	7.07	7.71	4.98
108	7.0	173.0	161.5	154.85	157.22	11.5	18.15	15.78
109	7.0	213.0	181.06	169.71	171.64	31.94	43.29	41.36
110	7.0	159.0	200.63	186.0	187.37	41.63	27.0	28.37
111	7.0	167.0	220.2	203.85	204.55	53.2	36.85	37.55
112	7.0	163.0	239.77	223.41	223.3	76.77	60.41	60.3
113	7.0	228.0	259.34	244.85	243.77	31.34	16.85	15.77
114	7.0	241.0	278.9	268.35	266.11	37.9	27.35	25.11
115	7.0	330.0	298.47	294.1	290.51	31.53	35.9	39.49
116	7.0	292.0	318.04	322.32	317.14	26.04	30.32	25.14
117	7.0	400.0	337.61	353.26	346.21	62.39	46.74	53.79
118	7.0	412.0	357.18	387.16	377.95	54.82	24.84	34.05
120	8.0	357.0	214.61	342.12	295.49	142.39	14.88	61.51
121	8.0	289.0	200.34	268.68	237.81	88.66	20.32	51.19
122	8.0	239.0	186.07	211.0	191.38	52.93	28.0	47.62
123	8.0	160.0	171.8	165.7	154.02	11.8	5.7	5.98

124	8.0	106.0	157.53	130.13	123.96	51.53	24.13	17.96
125	8.0	92.0	143.26	102.2	99.76	51.26	10.2	7.76
126	8.0	65.0	128.99	80.26	80.28	63.99	15.26	15.28
127	8.0	45.0	114.72	63.03	64.61	69.72	18.03	19.61
128	8.0	38.0	100.45	49.5	52.0	62.45	11.5	14.0
129	8.0	31.0	86.18	38.87	41.85	55.18	7.87	10.85
130	8.0	38.0	71.92	30.53	33.68	33.92	7.47	4.32
131	8.0	25.0	57.65	23.97	27.1	32.65	1.03	2.1
132	8.0	20.0	43.38	18.83	21.81	23.38	1.17	1.81
133	8.0	12.0	29.11	14.79	17.56	17.11	2.79	5.56
134	8.0	12.0	14.84	11.61	14.13	2.84	0.39	2.13
135	8.0	12.0	0.57	9.12	11.37	11.43	2.88	0.63
136	8.0	9.0	-13.7	7.16	9.15	22.7	1.84	0.15
137	8.0	4.0	-27.97	5.62	7.36	31.97	1.62	3.36
138	8.0	13.0	-42.24	4.42	5.93	55.24	8.58	7.07
139	8.0	14.0	-56.51	3.47	4.77	70.51	10.53	9.23
141	9.0	9.0	16.78	28.93	21.01	7.78	19.93	12.01
142	9.0	11.0	21.62	31.02	23.08	10.62	20.02	12.08
143	9.0	17.0	26.47	33.27	25.37	9.47	16.27	8.37
144	9.0	19.0	31.31	35.68	27.87	12.31	16.68	8.87
145	9.0	18.0	36.15	38.26	30.63	18.15	20.26	12.63
146	9.0	24.0	40.99	41.03	33.66	16.99	17.03	9.66
147	9.0	47.0	45.83	44.0	36.99	1.17	3.0	10.01
148	9.0	42.0	50.67	47.19	40.64	8.67	5.19	1.36
149	9.0	53.0	55.51	50.6	44.66	2.51	2.4	8.34
150	9.0	67.0	60.36	54.26	49.08	6.64	12.74	17.92
151	9.0	111.0	65.2	58.19	53.93	45.8	52.81	57.07
152	9.0	86.0	70.04	62.41	59.27	15.96	23.59	26.73
153	9.0	122.0	74.88	66.92	65.13	47.12	55.08	56.87
154	9.0	97.0	79.72	71.77	71.57	17.28	25.23	25.43
155	9.0	98.0	84.56	76.96	78.64	13.44	21.04	19.36
156	9.0	87.0	89.4	82.54	86.42	2.4	4.46	0.58
157	9.0	80.0	94.24	88.51	94.96	14.24	8.51	14.96
158	9.0	126.0	99.09	94.92	104.35	26.91	31.08	21.65
159	9.0	89.0	103.93	101.79	114.67	14.93	12.79	25.67
160	9.0	120.0	108.77	109.16	126.01	11.23	10.84	6.01

161	9.0	113.0	113.61	117.06	138.47	0.61	4.06	25.47
162	9.0	113.0	118.45	125.54	152.16	5.45	12.54	39.16
163	9.0	96.0	123.29	134.62	167.21	27.29	38.62	71.21
164	9.0	94.0	128.13	144.37	183.74	34.13	50.37	89.74
165	10.0	65.0	61.38	64.29	64.65	3.62	0.71	0.35
166	10.0	52.0	56.48	57.05	57.28	4.48	5.05	5.28
167	10.0	51.0	51.58	50.62	50.74	0.58	0.38	0.26
168	10.0	51.0	46.68	44.91	44.96	4.32	6.09	6.04
169	10.0	37.0	41.78	39.85	39.83	4.78	2.85	2.83
170	10.0	35.0	36.88	35.36	35.29	1.88	0.36	0.29
171	10.0	28.0	31.98	31.38	31.26	3.98	3.38	3.26
172	10.0	44.0	27.08	27.84	27.7	16.92	16.16	16.3
173	10.0	13.0	22.18	24.7	24.54	9.18	11.7	11.54

Appendice F - valutazione modelli annuali

week	year	decessi_reali	pred_Ols	pred_Poisson	pred_NegBin	mae_Ols	mae_Poisson	mae_Neg
1	1.0	387.0	954.82	957.01	1000.61	567.82	570.01	613.61
2	1.0	334.0	951.89	953.83	995.54	617.89	619.83	661.54
3	1.0	270.0	948.96	950.65	990.5	678.96	680.65	720.5
4	1.0	240.0	946.03	947.49	985.49	706.03	707.49	745.49
5	1.0	285.0	943.11	944.33	980.5	658.11	659.33	695.5
6	1.0	274.0	940.18	941.19	975.54	666.18	667.19	701.54
7	1.0	285.0	937.25	938.06	970.6	652.25	653.06	685.6
8	1.0	390.0	934.32	934.93	965.69	544.32	544.93	575.69
9	1.0	402.0	931.39	931.82	960.8	529.39	529.82	558.8
10	1.0	497.0	928.46	928.72	955.94	431.46	431.72	458.94
11	1.0	521.0	925.53	925.63	951.1	404.53	404.63	430.1
12	1.0	636.0	922.61	922.55	946.29	286.61	286.55	310.29
13	1.0	810.0	919.68	919.48	941.5	109.68	109.48	131.5
14	1.0	970.0	916.75	916.41	936.73	53.25	53.59	33.27
15	1.0	1035.0	913.82	913.36	931.99	121.18	121.64	103.01
16	1.0	1392.0	910.89	910.32	927.27	481.11	481.68	464.73
17	1.0	2066.0	907.96	907.29	922.58	1158.04	1158.71	1143.42
18	1.0	2419.0	905.04	904.27	917.91	1513.96	1514.73	1501.09

19	1.0	2626.0	902.11	901.26	913.27	1723.89	1724.74	1712.73
20	1.0	2622.0	899.18	898.26	908.64	1722.82	1723.74	1713.36
21	1.0	2244.0	896.25	895.27	904.04	1347.75	1348.73	1339.96
22	1.0	1974.0	893.32	892.29	899.47	1080.68	1081.71	1074.53
23	1.0	1571.0	890.39	889.32	894.92	680.61	681.68	676.08
24	1.0	1327.0	887.46	886.36	890.39	439.54	440.64	436.61
25	1.0	981.0	884.54	883.41	885.88	96.46	97.59	95.12
26	1.0	917.0	881.61	880.47	881.4	35.39	36.53	35.6
27	1.0	997.0	878.68	877.54	876.94	118.32	119.46	120.06
28	1.0	1002.0	875.75	874.62	872.5	126.25	127.38	129.5
29	1.0	964.0	872.82	871.7	868.08	91.18	92.3	95.92
30	1.0	939.0	869.89	868.8	863.69	69.11	70.2	75.31
31	1.0	1001.0	866.97	865.91	859.32	134.03	135.09	141.68
32	1.0	924.0	864.04	863.03	854.97	59.96	60.97	69.03
33	1.0	877.0	861.11	860.15	850.64	15.89	16.85	26.36
34	1.0	755.0	858.18	857.29	846.33	103.18	102.29	91.33
35	1.0	708.0	855.25	854.44	842.05	147.25	146.44	134.05
36	1.0	617.0	852.32	851.59	837.79	235.32	234.59	220.79
37	1.0	380.0	849.39	848.76	833.55	469.39	468.76	453.55
38	1.0	442.0	846.47	845.93	829.33	404.47	403.93	387.33
39	1.0	330.0	843.54	843.12	825.13	513.54	513.12	495.13
40	1.0	381.0	840.61	840.31	820.96	459.61	459.31	439.96
41	1.0	443.0	837.68	837.51	816.8	394.68	394.51	373.8
42	1.0	561.0	834.75	834.72	812.67	273.75	273.72	251.67
43	1.0	819.0	831.82	831.95	808.55	12.82	12.95	10.45
44	1.0	950.0	828.9	829.18	804.46	121.1	120.82	145.54
45	1.0	1211.0	825.97	826.42	800.39	385.03	384.58	410.61
46	1.0	1050.0	823.04	823.66	796.34	226.96	226.34	253.66
47	1.0	924.0	820.11	820.92	792.31	103.89	103.08	131.69
48	1.0	662.0	817.18	818.19	788.3	155.18	156.19	126.3
49	1.0	625.0	814.25	815.47	784.31	189.25	190.47	159.31
50	1.0	485.0	811.32	812.75	780.34	326.32	327.75	295.34
51	1.0	377.0	808.4	810.05	776.39	431.4	433.05	399.39
52	1.0	369.0	805.47	807.35	772.46	436.47	438.35	403.46
53	1.0	302.0	802.54	804.66	768.55	500.54	502.66	466.55
54	2.0	270.0	606.19	767.22	835.77	336.19	497.22	565.77

55	2.0	369.0	593.56	730.49	792.02	224.56	361.49	423.02
56	2.0	469.0	580.93	695.52	750.56	111.93	226.52	281.56
57	2.0	606.0	568.3	662.22	711.27	37.7	56.22	105.27
58	2.0	560.0	555.67	630.52	674.03	4.33	70.52	114.03
59	2.0	546.0	543.04	600.33	638.75	2.96	54.33	92.75
60	2.0	485.0	530.42	571.59	605.31	45.42	86.59	120.31
61	2.0	531.0	517.79	544.23	573.62	13.21	13.23	42.62
62	2.0	606.0	505.16	518.18	543.59	100.84	87.82	62.41
63	2.0	667.0	492.53	493.37	515.14	174.47	173.63	151.86
64	2.0	678.0	479.9	469.75	488.17	198.1	208.25	189.83
65	2.0	771.0	467.27	447.26	462.62	303.73	323.74	308.38
66	2.0	774.0	454.64	425.85	438.4	319.36	348.15	335.6
67	2.0	760.0	442.01	405.46	415.45	317.99	354.54	344.55
68	2.0	613.0	429.38	386.05	393.7	183.62	226.95	219.3
69	2.0	602.0	416.76	367.57	373.09	185.24	234.43	228.91
70	2.0	430.0	404.13	349.98	353.56	25.87	80.02	76.44
71	2.0	312.0	391.5	333.22	335.05	79.5	21.22	23.05
72	2.0	448.0	378.87	317.27	317.51	69.13	130.73	130.49
73	2.0	253.0	366.24	302.08	300.89	113.24	49.08	47.89
74	2.0	315.0	353.61	287.62	285.14	38.61	27.38	29.86
75	2.0	242.0	340.98	273.85	270.21	98.98	31.85	28.21
76	2.0	218.0	328.35	260.74	256.07	110.35	42.74	38.07
77	2.0	216.0	315.73	248.26	242.66	99.73	32.26	26.66
78	2.0	181.0	303.1	236.37	229.96	122.1	55.37	48.96
79	2.0	181.0	290.47	225.06	217.92	109.47	44.06	36.92
80	2.0	184.0	277.84	214.28	206.51	93.84	30.28	22.51
81	2.0	142.0	265.21	204.03	195.7	123.21	62.03	53.7
82	2.0	135.0	252.58	194.26	185.46	117.58	59.26	50.46
83	2.0	199.0	239.95	184.96	175.75	40.95	14.04	23.25
84	2.0	153.0	227.32	176.1	166.55	74.32	23.1	13.55
85	2.0	186.0	214.7	167.67	157.83	28.7	18.33	28.17
86	2.0	156.0	202.07	159.65	149.57	46.07	3.65	6.43
87	2.0	156.0	189.44	152.0	141.74	33.44	4.0	14.26
88	2.0	158.0	176.81	144.73	134.32	18.81	13.27	23.68
89	2.0	104.0	164.18	137.8	127.29	60.18	33.8	23.29
90	2.0	108.0	151.55	131.2	120.62	43.55	23.2	12.62

91	2.0	80.0	138.92	124.92	114.31	58.92	44.92	34.31
92	2.0	82.0	126.29	118.94	108.32	44.29	36.94	26.32
93	2.0	62.0	113.67	113.25	102.65	51.67	51.25	40.65
94	2.0	30.0	101.04	107.82	97.28	71.04	77.82	67.28
95	2.0	43.0	88.41	102.66	92.19	45.41	59.66	49.19
96	2.0	42.0	75.78	97.75	87.36	33.78	55.75	45.36
97	2.0	17.0	63.15	93.07	82.79	46.15	76.07	65.79
98	2.0	50.0	50.52	88.61	78.45	0.52	38.61	28.45
99	2.0	77.0	37.89	84.37	74.35	39.11	7.37	2.65
100	2.0	39.0	25.26	80.33	70.45	13.74	41.33	31.45
101	2.0	61.0	12.63	76.49	66.77	48.37	15.49	5.77
102	2.0	77.0	0.01	72.82	63.27	76.99	4.18	13.73
103	2.0	91.0	-12.62	69.34	59.96	103.62	21.66	31.04
104	2.0	106.0	-25.25	66.02	56.82	131.25	39.98	49.18
105	2.0	135.0	-37.88	62.86	53.85	172.88	72.14	81.15
106	3.0	135.0	227.54	274.67	231.71	92.54	139.67	96.71
107	3.0	149.0	223.09	263.42	223.98	74.09	114.42	74.98
108	3.0	173.0	218.65	252.62	216.5	45.65	79.62	43.5
109	3.0	213.0	214.21	242.27	209.28	1.21	29.27	3.72
110	3.0	159.0	209.77	232.34	202.29	50.77	73.34	43.29
111	3.0	167.0	205.33	222.82	195.54	38.33	55.82	28.54
112	3.0	163.0	200.88	213.69	189.01	37.88	50.69	26.01
113	3.0	228.0	196.44	204.93	182.7	31.56	23.07	45.3
114	3.0	241.0	192.0	196.54	176.6	49.0	44.46	64.4
115	3.0	330.0	187.56	188.48	170.71	142.44	141.52	159.29
116	3.0	292.0	183.12	180.76	165.01	108.88	111.24	126.99
117	3.0	400.0	178.68	173.35	159.5	221.32	226.65	240.5
118	3.0	412.0	174.23	166.25	154.18	237.77	245.75	257.82
119	3.0	300.0	169.79	159.44	149.03	130.21	140.56	150.97
120	3.0	357.0	165.35	152.9	144.06	191.65	204.1	212.94
121	3.0	289.0	160.91	146.64	139.25	128.09	142.36	149.75
122	3.0	239.0	156.47	140.63	134.6	82.53	98.37	104.4
123	3.0	160.0	152.02	134.87	130.11	7.98	25.13	29.89
124	3.0	106.0	147.58	129.34	125.76	41.58	23.34	19.76
125	3.0	92.0	143.14	124.04	121.56	51.14	32.04	29.56
126	3.0	65.0	138.7	118.96	117.51	73.7	53.96	52.51

127	3.0	45.0	134.26	114.08	113.58	89.26	69.08	68.58
128	3.0	38.0	129.82	109.41	109.79	91.82	71.41	71.79
129	3.0	31.0	125.37	104.92	106.13	94.37	73.92	75.13
130	3.0	38.0	120.93	100.62	102.59	82.93	62.62	64.59
131	3.0	25.0	116.49	96.5	99.16	91.49	71.5	74.16
132	3.0	20.0	112.05	92.55	95.85	92.05	72.55	75.85
133	3.0	12.0	107.61	88.75	92.65	95.61	76.75	80.65
134	3.0	12.0	103.16	85.12	89.56	91.16	73.12	77.56
135	3.0	12.0	98.72	81.63	86.57	86.72	69.63	74.57
136	3.0	9.0	94.28	78.28	83.68	85.28	69.28	74.68
137	3.0	4.0	89.84	75.08	80.89	85.84	71.08	76.89
138	3.0	13.0	85.4	72.0	78.19	72.4	59.0	65.19
139	3.0	14.0	80.96	69.05	75.58	66.96	55.05	61.58
140	3.0	11.0	76.51	66.22	73.05	65.51	55.22	62.05
141	3.0	9.0	72.07	63.51	70.61	63.07	54.51	61.61
142	3.0	11.0	67.63	60.9	68.26	56.63	49.9	57.26
143	3.0	17.0	63.19	58.41	65.98	46.19	41.41	48.98
144	3.0	19.0	58.75	56.02	63.78	39.75	37.02	44.78
145	3.0	18.0	54.3	53.72	61.65	36.3	35.72	43.65
146	3.0	24.0	49.86	51.52	59.59	25.86	27.52	35.59
147	3.0	47.0	45.42	49.41	57.6	1.58	2.41	10.6
148	3.0	42.0	40.98	47.38	55.68	1.02	5.38	13.68
149	3.0	53.0	36.54	45.44	53.82	16.46	7.56	0.82
150	3.0	67.0	32.1	43.58	52.02	34.9	23.42	14.98
151	3.0	111.0	27.65	41.79	50.29	83.35	69.21	60.71
152	3.0	86.0	23.21	40.08	48.61	62.79	45.92	37.39
153	3.0	122.0	18.77	38.44	46.99	103.23	83.56	75.01
154	3.0	97.0	14.33	36.86	45.42	82.67	60.14	51.58
155	3.0	98.0	9.89	35.35	43.9	88.11	62.65	54.1
156	3.0	87.0	5.44	33.9	42.44	81.56	53.1	44.56
157	3.0	80.0	1.0	32.51	41.02	79.0	47.49	38.98
158	4.0	126.0	124.4	139.6	145.87	1.6	13.6	19.87
159	4.0	89.0	117.21	125.43	130.15	28.21	36.43	41.15
160	4.0	120.0	110.01	112.69	116.13	9.99	7.31	3.87
161	4.0	113.0	102.82	101.25	103.62	10.18	11.75	9.38
162	4.0	113.0	95.62	90.97	92.45	17.38	22.03	20.55

163	4.0	96.0	88.43	81.73	82.49	7.57	14.27	13.51
164	4.0	94.0	81.23	73.43	73.6	12.77	20.57	20.4
165	4.0	65.0	74.04	65.98	65.67	9.04	0.98	0.67
166	4.0	52.0	66.84	59.28	58.6	14.84	7.28	6.6
167	4.0	51.0	59.64	53.26	52.28	8.64	2.26	1.28
168	4.0	51.0	52.45	47.85	46.65	1.45	3.15	4.35
169	4.0	37.0	45.25	42.99	41.62	8.25	5.99	4.62
170	4.0	35.0	38.06	38.63	37.14	3.06	3.63	2.14
171	4.0	28.0	30.86	34.71	33.14	2.86	6.71	5.14
172	4.0	44.0	23.67	31.18	29.57	20.33	12.82	14.43
173	4.0	13.0	16.47	28.02	26.38	3.47	15.02	13.38

Ringraziamenti

Desidero esprimere la mia più sincera e profonda gratitudine alle persone che hanno reso possibile questo traguardo, illuminando il percorso con il loro supporto e il loro affetto.

Un ringraziamento infinito va alla mia famiglia, il mio porto sicuro: a mia madre Santa, a mio padre Giovanni e a mia sorella Caterina. Il loro sostegno non è mai venuto meno e ha rappresentato un punto fermo lungo ogni passo di questo percorso. I miei genitori hanno sempre riposto in me una fiducia incrollabile, seguendo con partecipazione ogni fase di questo cammino, a volte perfino con quella premura che può sembrare “pesante”, ma che nasce dal loro profondo amore e dal desiderio sincero di vedermi realizzato. Mia sorella, più tranquilla e comprensiva, ha saputo offrirmi un equilibrio fatto di ascolto e discrezione. La loro presenza è stata una colonna portante, una fonte inesauribile di stabilità e conforto che ha travalicato i confini di questo elaborato, sostenendomi in ogni aspetto della mia vita. Senza il loro affetto, i sacrifici e la vicinanza che hanno sempre dimostrato, questo traguardo non avrebbe avuto lo stesso valore.

Un ringraziamento speciale va alla mia ragazza, Maria Michela, mia compagna di vita e futura sposa. Il suo amore paziente è stato il mio faro. Con pazienza, forza e dolcezza ha saputo spronarmi quando ne avevo bisogno, sostenermi quando tentennavo e alleggerire il peso delle difficoltà con la sua ironia e la sua presenza costante, soprattutto in questo ultimo periodo, mentre io ero completamente immerso nella stesura dell’elaborato, ha fatto tutto ciò che poteva per permettermi di concentrarmi. La sua vicinanza è stata il punto di equilibrio essenziale che ha reso ogni sfida superabile e ogni giornata, per quanto pesante, sempre piena di quella gioia semplice e profonda che solo lei sa portare.

Infine, voglio dedicare un pensiero anche a me stesso. A quello che ha iniziato questo percorso senza sapere quanto sarebbe stato lungo e difficile, e a quello che, nonostante tutto, è riuscito ad arrivare fin qui. Questo traguardo rappresenta non solo un risultato accademico, ma anche un percorso di crescita personale, scandito da cambiamenti importanti. Sono grato a me stesso per non aver mai smesso di crederci, per aver affrontato ogni sfida con determinazione, per non aver mollato quando sarebbe stato facile farlo, e per aver trovato, spesso all’ultimo minuto, l’energia necessaria per andare avanti. Un capitolo importante si chiude con questo risultato, lasciando però aperte tutte le possibilità per ciò che ancora dovrò diventare e costruire.