



ALMA MATER STUDIORUM UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

Dipartimento di Matematica
Corso di Laurea Magistrale in Matematica

Modelli biomatematici differenziali e stocastici

Relatrice:
Prof.ssa Germana Landi

Laureando:
Davide Vanni

Correlatore:
Prof. Paolo Negrini

Anno Accademico 2016/2017

Indice

Equazioni differenziali - ODE	1
1.1 ODE- struttura e definizioni	1
1.2 Sistemi di ODE	2
1.3 Problema di Cauchy	3
1.4 Sistemi dinamici	3
1.4.1 Equilibri e stabilit�	4
Catene di Markov a tempo discreto	5
2.1 Processi stocastici	5
2.2 Classificazione degli stati e delle classi	7
2.2.1 Probabilit� di assorbimento di una classe chiusa	7
2.3 Distribuzioni invarianti	10
Modelli a tempo discreto	14
3.1 Il modello SIS	14
3.1.1 Analisi del modello SIS differenziale	14
3.1.2 SIS stocastico	16
3.1.3 Analisi del modello SIS stocastico	17
3.1.4 Simulazioni del modello SIS	18
3.2 Il modello SIR	30
3.2.1 Analisi del modello SIR differenziale	30
3.2.2 SIR stocastico	32
3.2.3 Analisi del modello SIR stocastico	33
3.2.4 Simulazioni del modello SIR	34
3.3 Epidemia di influenza in una scuola superiore inglese	39
3.4 La peste ad Eyam	47
Catene di Markov a tempo continuo	52
4.1 Equazioni di Kolmogorov	54
4.2 Tempo d'Intervento	55
4.3 Processi multivariati	57

Modelli a tempo continuo	58
5.1 Il modello SIS-CTMC	58
5.2 Il modello SIR-CTMC	59
5.3 Il modello Lotka-Volterra	60
5.3.1 Analisi del modello Lotka-Volterra differenziale	61
5.3.2 Lotka-Volterra stocastico	63
5.3.3 Simulazioni del modello Lotka-Volterra	64
5.4 Il modello Lotka-Volterra con fattore di pesca	68
5.4.1 Analisi del modello Lotka-Volterra differenziale con pesca	68
5.5 Il modello “due popolazioni interagenti”	70
5.5.1 Analisi del modello “due popolazioni interagenti” dif- ferenziale	71
5.5.2 “Due popolazioni interagenti” stocastico	73
5.5.3 Simulazioni del modello “due popolazioni interagenti” .	74
Appendice	80
Conclusione	90

Elenco delle figure

3.1	Equilibri, isocline e campo vettoriale del modello SIS. In rosso gli equilibri; $N = 100$, $a = 14\%$ e $b = 5\%$.	16
3.2	Comportamento schematico del modello SIS	17
3.3	SIS. $a=0.14$; $b=0.05$; $N=100$	19
3.4	SIS. $a=0.2$; $b=0.05$; $N=1000$	20
3.5	SIS. $a=0.15$; $b=0.09$; $N=1000$	21
3.6	SIS. $a=0.24$; $b=0.12$; $N=1000$	22
3.7	SIS. $a=0.005$; $b=0.001$; $N=1000$	23
3.8	SIS con media mobile. $a=0.005$; $b=0.001$; $N=1000$. Ampiezza media mobile 100.	24
3.9	SIS. $a=0.0042$; $b=0.0021$; $N=1000$	25
3.10	SIS. $a=0.0059$; $b=0.0028$; $N=1000$	26
3.11	SIS. $a=0.0059$; $b=0.0028$; $N=1000$	27
3.12	SIS. Controllo distanza tra i modelli differenziale e stocastico per $a=0.0042$; $b=0.0021$; $N=1000$	28
3.13	SIS. Controllo distanza tra i modelli differenziale e stocastico per $a=0.005$; $b=0.001$; $N=1000$	29
3.14	SIS. Controllo distanza tra i modelli differenziale e stocastico per $a=0.2$; $b=0.05$; $N=1000$	29
3.15	Equilibri, isoclina e campo vettoriale del modello SIR. In nero l'isoclina; $N = 100$, $a = 50\%$ e $b = 25\%$.	31
3.16	Comportamento schematico del modello SIR	33
3.17	SIR. $a=0.5$; $b=0.25$; $N=100$	34
3.18	SIR. $a=0.071$; $b=0.025$; $N=1000$	35
3.19	SIR. $a=0.029$; $b=0.031$; $N=1000$	36
3.20	SIR. $a=0.0039$; $b=0.0024$; $N=1000$	37
3.21	SIR. $a=0.012$; $b=0.002$; $N=1000$	38
3.22	Dati del British Medical Journal: ragazzi confinati a letto nei singoli giorni in cui si é diffusa l'epidemia.	39
3.23	Predizioni del modello SIR differenziale confrontate con i dati reali secondo D. Sulsky.[6]	40
3.24	Orbite del modello SIR differenziale secondo D. Sulsky.[6]	40

3.25	Simulazione del modello SIR dell'influenza nella scuola inglese confrontata con i dati reali. Rispettivamente segnati: con cerchi neri i dati reali, con asterischi blu le soluzioni di una simulazione stocastica, con linea continua nera le soluzioni differenziali ottenute con la funzione di sistema <i>ode45</i> e con la linea spezzata rossa le soluzioni differenziali ottenute un metodo del tipo Runge-Kutta.	41
3.26	Funzione matlab Runge-Kutta con vettore dei tempi a scelta dell'utente.	42
3.27	SIR-Influenza. Scarto quadratico della simulazione differenziale rispetto i dati osservati al variare dei parametri.	43
3.28	SIR-Influenza. Scarto quadratico medio delle 1000 simulazioni stocastiche rispetto i dati osservati al variare dei parametri.	44
3.29	SIR-Influenza. Scarto quadratico medio delle 50000 simulazioni stocastiche rispetto i dati osservati al variare dei parametri.	45
3.30	SIR-Influenza. Simulazione numerica con parametri ottimali: per la simulazione differenziale (linea rossa e linea nera) $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$, per la simulazione stocastica (asterischi blu) $a = 0.00306$ e $b = 0.584$	46
3.31	Tabella riassuntiva delle percentuali di simulazioni stocastiche che risultano piú vicine ai dati reali rispetto alla simulazione differenziale. Nella colonna contrassegnata con <i>%A</i> sono riportate le percentuali per parametri $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$ per entrambe le simulazioni, mentre nella colonna contrassegnata con <i>%B</i> sono riportate le percentuali per parametri $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$ per la simulazione differenziale e $a = 0.00306$ e $b = 0.584$ per le simulazioni stocastiche.	46
3.32	Morti per mese a causa della peste nel villaggio di Eyam.	47
3.33	Simulazione del modello SIR della peste bubbonica confrontata con i dati reali di Eyam. Rispettivamente segnati: con cerchi neri i dati reali, con asterischi blu le soluzioni di una simulazione stocastica e con la linea spezzata rossa le soluzioni differenziali ottenute con la funzione Runge-Kutta. $I_0 = 1$	48
3.34	Simulazione del modello SIR della peste bubbonica confrontata con i dati reali di Eyam; per la simulazione differenziale é stata usata la liena continua rossa, per la simulazione stocastica gli asterischi blu e per i dati reali cerchi neri. $I_0 = 7$	49
3.35	Tabella riassuntiva delle percentuali di simulazioni stocastiche che risultano piú vicine ai dati reali rispetto alla simulazione differenziale. Nella colonna contrassegnata con <i>%A</i> sono riportate le percentuali per $I_0 = 1$, mentre nella colonna contrassegnata per $I_0 = 7$	50
3.36	SIR-Eyam. Scarto quadratico della simulazione differenziale rispetto i dati osservati al variare dei parametri.	50

3.37	SIR-Eyam. Scarto quadratico delle 1000 simulazioni stocastiche rispetto i dati osservati al variare dei parametri.	51
3.38	SIR-Eyam. Simulazione numerica con parametri ottimali: per la simulazione differenziale (linea rossa) $a = 0.0029$ e $b = 0.39$, per la simulazione stocastica (asterischi blu) $a = 0.0064$ e $b = 0.1$	51
5.39	Equilibri, isocline e campo vettoriale del modello L-V. In nero le isocline; $a_{10} = 0.8$, $a_{12} = 0.02$, $a_{21} = 0.01$, $a_{20} = 0.7$	62
5.40	Spazio delle fasi. Esempi di orbite.	63
5.41	L-V. $a_{10} = 0.8$; $a_{12} = 0.02$; $a_{21} = 0.01$; $a_{20} = 0.7$	64
5.42	L-V. $a_{10} = 0.08$; $a_{12} = 0.001$; $a_{21} = 0.0002$; $a_{20} = 0.07$	65
5.43	L-V. $a_{10} = 0.09$; $a_{12} = 0.0011$; $a_{21} = 0.0002$; $a_{20} = 0.04$	66
5.44	L-V. $a_{10} = 3.21$; $a_{12} = 0.014$; $a_{21} = 0.006$; $a_{20} = 2.32$	67
5.45	Le 4 possibili posizioni delle isocline del modello “due popolazioni interagenti”	71
5.46	Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.3$; $a_{11} = 0.005$; $a_{12} = 0.01$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.02$; $a_{22} = 0.003$	74
5.47	Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.3$; $a_{11} = 0.005$; $a_{12} = 0.01$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.02$; $a_{22} = 0.003$	75
5.48	Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.3$; $a_{11} = 0.09$; $a_{12} = 0.01$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.02$; $a_{22} = 0.1$	76
5.49	Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 4.9$; $a_{11} = 0.02$; $a_{12} = 0.3$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.55$; $a_{22} = 0.03$	77
5.50	Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.9$; $a_{11} = 0.01$; $a_{12} = 0.006$; $a_{20} = 2.4$; $a_{21} = 0.01$; $a_{22} = 0.011$	78
5.51	Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.9$; $a_{11} = 0.025$; $a_{12} = 0$; $a_{20} = 2.4$; $a_{21} = 0.011$; $a_{22} = 0.011$	79
5.52	Function Matlab del modello SIS	80
5.53	Programma Matlab per simulazione del modello SIS differenziale	81
5.54	Programma Matlab per simulazione del modello SIS stocastico	82
5.55	Function Matlab del modello SIR	83
5.56	Programma Matlab per simulazione del modello SIR differenziale	83
5.57	Programma Matlab per simulazione del modello SIR stocastico	84
5.58	Function Matlab del modello LV	85
5.59	Programma Matlab per simulazione del modello LV differenziale	85
5.60	Programma Matlab per simulazione del modello LV stocastico	86
5.61	Function Matlab del modello “due popolazioni interagenti”	87
5.62	Programma Matlab per simulazione del modello “due popolazioni interagenti” differenziale	87
5.63	Programma Matlab per simulazione del modello “due popolazioni interagenti” stocastico	88

5.64	Function Matlab del modello “guerra” che descrive l’andamento delle popolazioni “fanteria esercito 1” e “fanteria esercito 2” durante uno scontro.	89
5.65	Function Matlab del modello “Birth and Death process” che descrive l’andamento di una popolazione soggetta a natalità e mortalità.	89
5.66	Function Matlab del modello Lotka-Volterra in cui la crescita della popolazione delle prede é descritta con un modello di crescita logistica.	89

Introduzione

La previsione dei comportamenti delle malattie infettive e delle popolazioni di animali sono argomenti molto dibattuti e popolari al giorno d'oggi. Sempre piú l'uomo tenta di salvaguardare specie animali in via di estinzione e prevedere e prevenire contagi sia umani che di bestiame. I modelli di biomatematica sono uno strumento essenziale per poter prevedere e quindi agire su questi fenomeni. Talvolta, però, i fenomeni naturali sfuggono dalle previsioni matematiche tradizionali, cosí, sempre piú spesso i modelli differenziali vengono affiancati da modelli probabilistici.

In questa tesi verranno messi a confronto modelli di biomatematica differenziali (sistemi di equazioni differenziali) e stocastici (catene di Markov a tempo discreto - DTMC), si osserveranno differenze ed analogie tra i due modelli, i loro comportamenti e le loro previsioni mettendole a confronto con dati reali. In particolare si analizzeranno i modelli SIS e SIR a popolazione costante e si utilizzerá il modello SIR per modellizzare e far previsioni su due problemi reali: l'influenza in una scuola inglese e la peste ad Eyam del 1666. Osservando gli errori tra i modelli ed i dati reali si giungerá all'interessante risultato che le modellizzazioni stocastica e differenziale richiedono due parametrizzazioni differenti, secondo il criterio dell'errore quadratico. Assegnare parametri differenti alle due modellizzazioni implica, però, che i loro comportamenti differiscano profondamente per tempi grandi, assumendo valori di equilibrio e di distribuzione stazionaria differenti.

Si son quindi introdotte le CTMC (catene di Markov a tempo continuo) ed il poco esplorato settore di modellizzazione tramite esse, specialmente per processi multivariati, e, adattando un teorema di probabilità, si é costruito un algoritmo per simularle tramite calcolatore. In particolare si son trasposti in CTMC i modelli SIS e SIR, in modo da poterli confrontare tra loro, e si son introdotti due ulteriori modelli non realizzabili stocasticamente tramite DTMC: il modello Lotka-Volterra e il modello di "due popolazioni interagenti", evidenziando i loro comportamenti limite tramite simulazioni numeriche. La tesi é strutturata in cinque capitoli: nel primo vengono ricordati i concetti di equazione differenziale, problema di Cauchy e le principali proprietà di un sistema dinamico, nel secondo vengono introdotte le catene di Markov a tempo discreto, nel terzo vengono analizzati e messi a confronto i modelli SIS e SIR stocastici e differenziali ed applicati ai due problemi reali sopracitati.

Il quarto capitolo introduce le catene di Markov a tempo continuo e, infine, nel quinto capitolo vengono utilizzate per modellizzare stocasticamente le equazioni di Lotka-Volterra e “due popolazioni interagenti” con dati simulati.

In appendice vengono poi riportati i codici Matlab per le simulazioni numeriche qualora il lettore fosse interessato a ripetere alcune simulazioni o a provarne di nuove.

Equazioni differenziali - ODE

In questo capitolo verranno richiamate alcune definizioni e proprietà delle equazioni differenziali ordinarie e dei sistemi dinamici che saranno poi utilizzate nei capitoli successivi.

1.1 ODE- struttura e definizioni

Definizione 1. Equazione differenziale

Un'equazione differenziale é un'equazione che lega la funzione incognita alle sue derivate.

Definizione 2. ODE

Se l'equazione differenziale contiene derivate parziali della funzione incognita é detta equazione differenziale alle derivate parziali, viceversa, se la funzione é di una sola variabile viene detta Ordinaria (ODE).

Definizione 3. Grado di una ODE

Si definisce Grado o Ordine di una ODE il piú alto tra gli ordini delle derivate presenti in essa.

Una ODE del primo ordine si presenterá, quindi, come una equazione del tipo:

$$y' = \frac{dy}{dx} = f(x, y) \tag{1.1}$$

con $x \in \mathbb{R}$ e $y(x) : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$; d'ora in avanti per comoditá verrà indicato $y \in \mathbb{R}$.

Definizione 4. ODE autonoma

Una ODE viene detta autonoma quando f non dipende esplicitamente dalla variabile indipendente.

Nell'esempio precedente, l'ODE é autonoma quando $y' = f(y) = f(y(x))$.

1.2 Sistemi di ODE

Un sistema di ODE del primo ordine é un sistema di equazioni della forma:

$$\begin{cases} y'_1 = f_1(x, y_1, y_2, \dots, y_m) \\ y'_2 = f_2(x, y_1, y_2, \dots, y_m) \\ \vdots \\ y'_m = f_m(x, y_1, y_2, \dots, y_m) \end{cases} \quad (1.2)$$

che può essere riscritto in forma vettoriale come:

$$y' = f(x, y) \quad (1.3)$$

dove $y = [y_1, y_2, \dots, y_m]^T$ e $f = [f_1, f_2, \dots, f_m]^T$, cioè $f : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}^m$.

Teorema 1.1. *Una ODE m-dimensionale di grado q può essere riscritta come un sistema di ODE qm-dimensionale del primo ordine.*

Dimostrazione. Sia $y^{(q)} = \phi(x, y, y^{(1)}, \dots, y^{(q-1)})$ una ODE m-dimensionale di grado q, dove $\phi : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^{qm} \rightarrow \mathbb{R}^m$.

Definisco $Y_i \in \mathbb{R}^m$, per $i = 1, 2, \dots, q$, come:

$$\begin{aligned} Y_1 &= y \\ Y_2 &= Y'_1 \\ Y_3 &= Y'_2 \\ &\vdots \\ Y_q &= Y'_{q-1} \end{aligned} \quad (1.4)$$

che posso riscrivere come:

$$\begin{aligned} Y'_1 &= Y_2 \\ Y'_2 &= Y_3 \\ &\vdots \\ Y'_{q-1} &= Y_q \\ Y'_q &= \phi(x, Y_1, Y_2, \dots, Y_q) \end{aligned} \quad (1.5)$$

il quale é un sistema di ODE del primo ordine di dimensione qm che posso scrivere in modo compatto come $Y' = F(x, Y)$, dove $Y = [Y_1^T, Y_2^T, \dots, Y_q^T]^T \in \mathbb{R}^{qm}$ e $F = [Y_2^T, Y_3^T, \dots, Y_q^T, \phi^T(x, Y_1, Y_2, \dots, Y_q)]^T \in \mathbb{R}^{qm}$. \square

1.3 Problema di Cauchy

Definizione 5. Soluzione di un'ODE

Una funzione $g(x)$ é soluzione per l'ODE

$f(x, y(x), y'(x), \dots, y^{(m)}(x)) = 0$ se sostituendola ad y e sostituendo le derivate di g alle corrispondenti derivate di y l'uguaglianza é verificata.

Il problema di Cauchy consiste nel trovare la soluzione di una ODE $f(x, y(x), y'(x), \dots, y^{(m)}(x)) = 0$ che soddisfi le condizioni iniziali:

$$\begin{cases} y(a_0) = y_0 \\ y'(a_1) = y_1 \\ \vdots \\ y^{(n-1)}(a_{n-1}) = y_{n-1} \end{cases} \quad (1.6)$$

dove y_i e a_i , per $i = 0, 1, 2, \dots, n - 1$, sono costanti reali.

Teorema 1.2. *Cauchy-Lipschitz*

Sia f una funzione definita continua in un intorno $I \times J$ del punto $(x_0, y_0) \in \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$. Sia f Lipschitziana rispetto alla variabile dipendente y ed uniformemente continua rispetto alla variabile indipendente x , allora il problema di Cauchy:

$$\begin{cases} y' = f(x, y) \\ y(x_0) = y_0 \end{cases} \quad (1.7)$$

possiede un'unica soluzione.

1.4 Sistemi dinamici

Definizione 6. Spazio delle fasi

Lo spazio delle fasi (talvolta anche detto semplicemente campo vettoriale) é lo spazio in cui una ODE o un sistema di ODE $\dot{x} = x' = f(t, x)$ é definito. f viene detta velocità di fase e $x(t)$ orbita.

Definizione 7. isocline

Nello spazio delle fasi le isocline (null-clines) sono ipersuperfici su cui si annulla una delle componenti del campo vettoriale definito dal sistema di ODE.

1.4.1 Equilibri e stabilità

Per comodità, le ODE, d'ora in avanti, verranno scritte come ODE autonome, ma i risultati riportati valgono anche nel caso di ODE non autonome.

Definizione 8. Equilibrio

\bar{x} è un punto di equilibrio per l'ODE $x' = f(x)$ se $f(\bar{x}) = 0$, cioè se \bar{x} annulla il campo vettoriale, ossia se è soluzione dell'ODE.

Definizione 9. Equilibrio stabile neutralmente

\bar{x} è un punto di equilibrio neutralmente stabile (o stabile, per brevità) per l'ODE $x' = f(x)$ se è un punto di equilibrio e se $\forall \epsilon > 0, \exists \delta > 0$ e $\delta \leq \epsilon$ tale che $\forall x_0$ se $\|x_0 - \bar{x}\| < \delta$ allora $\|f(x_0) - f(\bar{x})\| = \|f(x_0)\| < \epsilon, \forall t$.

Definizione 10. Equilibrio stabile asintoticamente

\bar{x} è un punto di equilibrio asintoticamente stabile se è neutralmente stabile ed inoltre $\exists \sigma > 0$ tale che se $\|x_0 - \bar{x}\| < \sigma$ allora $\lim_{t \rightarrow +\infty} \|f(x_0)\| = 0$.

Definizione 11. Equilibrio instabile

\bar{x} è un punto di equilibrio instabile se è un punto di equilibrio e se $\exists \epsilon > 0$ tale che $\forall \delta > 0$ e $\delta \leq \epsilon, \exists x_0$ e $\exists t_0$ tali che $\|x_0 - \bar{x}\| < \delta$ e $\|f(x_0)\| > \epsilon$.

Se conosco la soluzione esplicita dell'ODE posso verificare la stabilità di un equilibrio dalle definizioni, se non dispongo di tale soluzione posso utilizzare il primo o il secondo metodo di Lyapunov. Per la categoria di problemi affrontati utilizzeremo solo il primo metodo che sostanzialmente linearizza il problema $x' = f(x)$ con $x' = Jac(x)x$ e poi studia il segno degli autovalori della matrice Jacobiana valutata nel punto d'equilibrio in esame. Per i sistemi di due ODE vengono riportati i risultati del primo metodo:

$\lambda_1 \leq \lambda_2 < 0$	Equilibrio asintoticamente stabile
$\lambda_1 \geq \lambda_2 > 0$	Equilibrio instabile
$\lambda_1 < 0 < \lambda_2$	Equilibrio instabile (punto sella)
$\lambda_1 = -\lambda_2 = ib$	Equilibrio stabile
$\lambda_1 = \lambda_2 = a \pm ib \quad a > 0$	Equilibrio instabile
$\lambda_1 = \lambda_2 = a \pm ib \quad a < 0$	Equilibrio asintoticamente stabile

(1.8)

Un altro criterio utile è il “Traccia-Determinante” (TD) i cui risultati ci mostrano che per un sistema dinamico di due equazioni in due incognite un equilibrio è asintoticamente stabile se e solo se la matrice jacobiana calcolata nell'equilibrio presenta traccia negativa e determinante positivo.

Catene di Markov a tempo discreto

In questo capitolo verranno richiamate le fondamentali definizioni e proprietà delle catene di Markov a tempo discreto che saranno poi utilizzate nei capitoli successivi.

2.1 Processi stocastici

Definizione 12. Processo stocastico

Un processo stocastico è una famiglia $\{X_t; t \in T\}$ di variabili aleatorie X_t , dipendenti da un parametro t il quale può assumere valori in un sottoinsieme T di \mathbb{R} .

Definizione 13. DTMC

Una catena di Markov finita (DTMC- Discrete Time Markov Chain) è un processo stocastico con le seguenti 3 proprietà:

- $T = \mathbb{N}$ oppure T è un sottointervallo di \mathbb{N}
- Tutte le variabili aleatorie X_n assumono i loro valori in un insieme finito $E = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ detto spazio degli stati che è lo stesso per tutte le X_n , gli x_k sono detti stati
- $p_{i,j}(n) = P(X_{n+1} = x_j | X_n = x_i) = P(X_{n+1} = x_j | X_n = x_i \wedge X_{n-1} = x_{i_{n-1}} \wedge \dots \wedge X_1 = x_1)$, ossia lo stato al tempo $n + 1$ può dipendere dallo stato al tempo n , ma non dipende dagli stati assunti in tempi precedenti. (proprietà di Markov)

Definizione 14. Catene Omogenee

Una catena di Markov è detta omogenea se non dipende da n , ossia se $p_{i,j} = p_{i,j}(n) = P(X_{n+1} = x_j | X_n = x_i)$, $\forall n \in T$.

Definizione 15. Matrice di Transizione

La matrice P i cui elementi sono definiti dalle probabilità $p_{i,j}$ è detta matrice di transizione. Inoltre per P vale che $\sum_{j=1}^N p_{i,j} = 1$, cioè la matrice P è stocastica; se vale anche $\sum_{i=1}^N p_{i,j} = 1$ allora P è detta bistocastica.

Chiaramente l'ordine della matrice P è pari alla cardinalità di E .

Osservazione. Ad ogni matrice stocastica può essere associato un grafo orientato i cui nodi rappresentano gli stati ed ai cui archi sono associate le probabilità di passare da uno stato ad un altro.

Definizione 16. Distribuzione Iniziale

Una distribuzione iniziale per una catena di Markov a N stati è un vettore $V(0) = (v_1(0), v_2(0), \dots, v_N(0))$, se vale che $\sum_{k=1}^N v_k(0) = 1$ la distribuzione è detta di probabilità.

Il significato della distribuzione iniziale di probabilità $v_k(0)$ è

$$v_k(0) = P(X_0 = x_k) .$$

La distribuzione iniziale assegna le probabilità dei diversi stati quando il processo ha inizio e, con la matrice di transizione, servirà per studiare lo sviluppo del processo.

Teorema 2.3.

$$P(X_n = x_j | X_0 = x_i) = (P^{(n)})_{ij} = p_{i,j}^{(n)} . \quad (2.9)$$

Dimostrazione. Mostriamo che $P(X_2 = x_j | X_0 = x_i) = p_{i,j}^{(2)}$:

$$\begin{aligned} P(X_2 = x_j | X_0 = x_i) &= \\ &= \sum_{k=1}^N P(X_2 = x_j \wedge X_1 = x_k | X_0 = x_i) = \\ &= \sum_{k=1}^N P(X_1 = x_k | X_0 = x_i) P(X_2 = x_j | X_1 = x_k \wedge X_0 = x_i) = \\ &= \sum_{k=1}^N P(X_1 = x_k | X_0 = x_i) P(X_2 = x_j | X_1 = x_k) = \\ &= \sum_{k=1}^N p_{i,k} p_{k,j} = (P^2)_{i,j} \end{aligned} \quad (2.10)$$

Ora, con un ragionamento induttivo, si mostra facilmente la tesi del teorema. \square

2.2 Classificazione degli stati e delle classi

Definizione 17. Stati comunicanti

Lo stato x_i si dice che comunica con lo stato x_j (si scrive $x_i \rightarrow x_j$) se $\exists k$ tale che $p_{i,j}^{(k)} > 0$.

Osservazione. La relazione \rightarrow é transitiva ma non é simmetrica né riflessiva.

Definizione 18. Classe chiusa

$C \subseteq E$ si dice classe chiusa se $\forall x_i \in C$ non comunica con alcuna $x_k \notin C$, ossia una volta che il processo entra un C non ne esce piú.

Definizione 19. Classe irriducibile

$C \subseteq E$ si dice classe irriducibile se é chiusa e se ogni $x_i \in C$ comunica con ogni $x_j \in C$.

Definizione 20. stati ricorrenti e transitori

Sia $\rho_{i,j} = P(\exists n \in \mathbb{N}, X_n = x_j | X_0 = x_i)$.

Lo stato x_i si dice ricorrente se $\rho_{i,i} = 1$, transitorio se $\rho_{i,i} < 1$.

D'ora in avanti si indicheranno con C una classe chiusa e con D una classe di stati transitori, cioè $D = T \setminus C$.

Definizione 21. stati assorbenti

Lo stato x_i é detto assorbente se $\rho_{i,i} = 1$, ossia se il solo x_i forma una classe irriducibile.

Osservazione. Uno stato assorbente é anche ricorrente.

2.2.1 Probabilità di assorbimento di una classe chiusa

Definizione 22. probabilità di assorbimento

Sia $x_i \notin C$ uno stato transitorio, si definisce la probabilità di assorbimento come $\lambda_i = P(\exists n \in \mathbb{N}, X_n \in C | X_0 = x_i)$, cioè la probabilità che, partendo da x_i , il processo entri in C .

Definizione 23. tempo medio di assorbimento

Definito $\tau = \inf\{n \in \mathbb{N}, X_n \in C\}$, si definisce il “tempo medio di assorbimento a partire dallo stato x_i ” come $\tau_i = E(\tau | X_0 = x_i)$.¹

Definizione 24. probabilità di assorbimento al tempo n

Si definisce la probabilità di assorbimento al tempo n a partire dallo stato x_i come $g_i^{(n)} = P(\tau = n | X_0 = x_i)$.

¹ E indica il valore atteso, definito come $E(X) = \sum_{i=1}^{+\infty} x_i p_i$ se X é una variabile aleatoria discreta (come nel caso delle DTMC) e come $E(X) = \int_{-\infty}^{+\infty} x f(x) dx$ se X é una variabile aleatoria continua.

Osservazione.

$$g_i^{(n+1)} = \sum_{x_r \in D} p_{i,r} g_r^{(n)}. \quad (2.11)$$

Teorema 2.4.

$$\lambda_i = \sum_{x_h \in C} p_{i,h} + \sum_{x_j \in D} p_{i,j} \lambda_j. \quad (2.12)$$

Dimostrazione.

$$\begin{aligned} \lambda_i &= \sum_{n=1}^{\infty} P(\tau = n | X_0 = x_i) = \\ &= \sum_{n=1}^{\infty} g_i^{(n)} = g_i^{(1)} + \sum_{n=2}^{\infty} g_i^{(n)} = \\ &= g_i^{(1)} + \sum_{n=1}^{\infty} g_i^{(n+1)} = \\ &= g_i^{(1)} + \sum_{n=1}^{\infty} \sum_{x_r \in D} p_{i,r} g_r^{(n)} = \\ &= \sum_{x_h \in C} p_{i,h} + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \sum_{n=1}^{\infty} g_r^{(n)} = \\ &= \sum_{x_h \in C} p_{i,h} + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \lambda_r \end{aligned} \quad (2.13)$$

Rinominando opportunamente gli indici abbiamo la tesi. \square

Teorema 2.5.

$$\tau_i = 1 + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \tau_r. \quad (2.14)$$

Dimostrazione.

$$\begin{aligned}
\tau_i &= \sum_{n=1}^{\infty} n g_i^{(n)} = \\
&= g_i^{(1)} + \sum_{n=1}^{\infty} (n+1) g_i^{(n+1)} = \\
&= \sum_{n=1}^{\infty} g_i^{(n)} + \sum_{n=1}^{\infty} n g_i^{(n+1)} = \\
&= 1 + \sum_{n=1}^{\infty} n \sum_{x_r \in D} p_{i,r} g_r^{(n)} = \\
&= 1 + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \sum_{n=1}^{\infty} n g_r^{(n)} = \\
&= 1 + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \tau_r.
\end{aligned} \tag{2.15}$$

□

Definizione 25. probabilità di assorbimento entro il tempo n

Si definisce la probabilità di assorbimento entro il tempo n a partire dallo stato x_i come $\phi_i^{(n)} = P(\tau \leq n | X_0 = x_i)$.

Teorema 2.6.

$$\phi_i^{(n+1)} = \phi_i^{(1)} + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \phi_r^{(n)}. \tag{2.16}$$

Dimostrazione.

$$\begin{aligned}
\phi_i^{(n+1)} &= \sum_{k=1}^{n+1} g_i^{(k)} = \\
&= g_i^{(1)} + \sum_{k=2}^{n+1} g_i^{(k)} = \\
&= \phi_i^{(1)} + \sum_{k=1}^n g_i^{(k+1)} = \\
&= \phi_i^{(1)} + \sum_{k=1}^n \sum_{x_r \in D} p_{i,r} g_r^{(k)} = \\
&= \phi_i^{(1)} + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \sum_{k=1}^n g_r^{(k)} = \\
&= \phi_i^{(1)} + \sum_{x_r \in D} p_{i,r} \phi_r^{(n)}.
\end{aligned} \tag{2.17}$$

□

2.3 Distribuzioni invarianti

Definizione 26. distribuzione invariante

Una distribuzione di probabilità $v = (v_1, v_2, \dots, v_n)$ si dice invariante o stazionaria se $v = vP$, con P matrice di transizione. La distribuzione invariante é classicamente indicata con $\pi = \pi P = (\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_n)$.

Teorema 2.7. *Teorema di Markov-Kakutani*

Data P matrice di transizione di ordine finito, esiste almeno una distribuzione invariante.

Dimostrazione. Poniamo:

$$S = \{v = (v_{(1)}, \dots, v_{(m)}), \forall k v_{(k)} \geq 0, \sum_{k=1}^m v_{(k)} = 1\} \quad (2.18)$$

Sia $v \in S$, considero la trasformazione di S in sé: $v \rightarrow vP$.

Creo, dunque, la successione

$$v_n = \frac{1}{n} \sum_{k=0}^{n-1} vP^k \quad (2.19)$$

Per ogni n il vettore $v_n = (v_{n(1)}, \dots, v_{n(m)})$ appartiene ad S poiché le sue componenti sono non negative e la loro somma da 1.

Verifichiamo che valga:

$$\sum_{i=1}^m v_{n(i)} = 1 \quad (2.20)$$

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^m v_{n(i)} &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^m \sum_{k=0}^{n-1} (vP^k)_{(i)} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^m \sum_{k=0}^{n-1} \sum_{h=1}^m v_{(h)} p_{h,i}^{(k)} = \\ &= \frac{1}{n} \sum_{h=1}^m \sum_{k=0}^{n-1} v_{(h)} \sum_{i=1}^m p_{h,i}^{(k)} = \frac{1}{n} \sum_{k=0}^{n-1} \sum_{h=1}^m v_{(h)} = \frac{1}{n} \sum_{k=0}^{n-1} 1 = \frac{1}{n} n = 1. \end{aligned} \quad (2.21)$$

S é un insieme compatto di \mathbb{R}^m poiché é chiuso e limitato. Allora esiste una sottosuccessione (v_{n_k}) di (v_n) convergente a un determinato $\pi \in S$. Mostriamo che π é invariante, ossia che $\pi = \pi P$.

$$\begin{aligned} v_{n_k} - v_{n_k} P &= \frac{1}{n_k} v \left(\sum_{i=0}^{n_k-1} P^i - \sum_{i=0}^{n_k-1} P^{i+1} \right) = \\ &= \frac{1}{n_k} v (Id - P + P - \dots - P^{n_k}) = \frac{1}{n_k} v (Id - P^{n_k}) = \frac{1}{n_k} (v - vP^{n_k}) \end{aligned} \quad (2.22)$$

Sia v che vP^{n_k} appartengono a S , quindi la norma di ciascuno di essi é minore

o uguale di \sqrt{m} , allora $\|v - vP^{n_k}\| \leq 2\sqrt{m}$; quindi $\|\frac{1}{n_k}(v - vP^{n_k})\| \rightarrow 0$ per $k \rightarrow +\infty$.

Dall'uguaglianza:

$$v_{n_k} - v_{n_k}P = \frac{1}{n_k}(v - vP^{n_k}) \quad (2.23)$$

sapendo che il secondo membro tende a 0 e che $v_{n_k} \rightarrow \pi$ per $k \rightarrow +\infty$, si conclude che $\pi = \pi P$, cioè che π è una distribuzione invariante. \square

Definizione 27. matrice di transizione irriducibile

P è detta irriducibile se $\forall i, j \exists n \in \mathbb{N}, p_{i,j}^{(n)} > 0$.

Definizione 28. matrice di transizione regolare

P è detta regolare se $\exists n \in \mathbb{N} \forall i, j, p_{i,j}^{(n)} > 0$.

Osservazione. Una matrice regolare è anche irriducibile.

Teorema 2.8. Se P è irriducibile e $\exists i$ tale che $p_{i,i} > 0$ allora P è regolare.

Dimostrazione. Siano x_i e x_j due stati generici, allora per ipotesi di irriducibilità $\exists k$ tale che $p_{i,j}^{(k)} > 0$. Sia $M = \max\{k | i, j \in \{1, 2, \dots, m\}\}$. Ora ogni stato che comunica con un altro in meno di M passi può fermarsi nello stato x_i per un determinato numero di passi in modo tale che il suo cammino finale sia composto esattamente da M passi. Quindi $\exists M \in \mathbb{N} \forall i, j, p_{i,j}^{(M)} > 0$. \square

Teorema 2.9. Teorema di Markov Se P è una matrice di transizione regolare allora $\exists! \pi$ invariante e $\forall v \in S$ si ha che $\lim_{n \rightarrow +\infty} vP^n = \pi$.

Dimostrazione. La dimostrazione, per comodità, viene suddivisa in 8 punti. $V_0 = \{(x_1, x_2, \dots, x_n) \in \mathbb{C}^n | \sum_{i=1}^n x_i = 0\}$ è invariante per moltiplicazione a destra per P , cioè $\forall v \in V_0$ si ha che $vP \in V_0$.

$$\sum_{i=1}^m (xP)_i = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^m x_j p_{i,j} = \sum_{j=1}^m x_j \sum_{i=1}^m p_{i,j} = \sum_{j=1}^m x_j = 0. \quad (2.24)$$

Sia $V_1 = \text{Span}(\pi)$ sottospazio di \mathbb{C}^m generato da π . Allora $V_0 \cap V_1 = \{0\}$.

Poiché $v \in V_1$ lo si scrive come $v = \lambda\pi$,

$$\sum_{i=1}^n v_i = \lambda \sum_{i=1}^n \pi_i = \lambda \quad (2.25)$$

Ma poiché $v \in V_0$ deve valere anche che:

$$\sum_{i=1}^n v_i = 0 \quad (2.26)$$

Quindi $\lambda = 0$, ossia $v = 0$.

Ogni autovettore sinistro per P ($vP = \lambda v$), con $\lambda \neq 1$, appartiene a V_0 .

Tenendo conto che $\dim(V_0) = m - 1$ si ha che $V_0 \oplus V_1 = \mathbb{C}^m$. Sia $v \in \mathbb{C}^m$ allora lo posso scrivere come $v = v_0 + t\pi$ dove $v_0 \in V_0$ e $t\pi \in V_1$. Allora vale:

$$\lambda v = \lambda P = (v_0 + t\pi)P = v_0P + t\pi \quad (2.27)$$

Ma anche:

$$\lambda v = \lambda v_0 + \lambda t\pi \quad (2.28)$$

Quindi ho che $\lambda v_0 = v_0P$ e $\lambda t\pi = t\pi$. Poiché $\lambda \neq 1$ ho che $t = 0$ e quindi che $v \in V_0$.

Gli autovalori di una matrice di transizione hanno modulo ≤ 1 .

$$|\lambda| \sum_{j=1}^n |v_j| = \sum_{j=1}^n |\lambda v_j| = \sum_{j=1}^n \left| \sum_{k=1}^n v_k p_{k,j} \right| \leq \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^n |v_k| p_{k,j} = \sum_{k=1}^n |v_k| \sum_{j=1}^n p_{k,j} = \sum_{k=1}^n |v_k|. \quad (2.29)$$

Dividendo primo e ultimo membro per $\sum_{k=1}^n |v_k|$ otteniamo $|\lambda| \leq 1$.

Se P ha tutti i termini positivi allora tutti i suoi autovalori diversi da 1 hanno modulo strettamente minore di 1.

Sappiamo che $v \in V_0$ e quindi $\sum_{k=1}^n v_k = 0$. Ciò implica che le componenti non nulle del vettore v non possono avere tutte lo stesso argomento e se due numeri complessi non nulli z_1 e z_2 hanno argomento diverso allora vale $|z_1 + z_2| \leq |z_1| + |z_2|$. Dunque in 2.29 avremo:

$$\sum_{j=1}^n \left| \sum_{k=1}^n v_k p_{k,j} \right| < \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^n |v_k| p_{k,j}. \quad (2.30)$$

Quindi, quando divideremo, otterremo $|\lambda| < 1$.

Se P ha tutti i termini positivi allora la distribuzione stazionaria é unica.

Supponiamo $v = a\pi + b\omega$ con $v = vP$ e $\omega \in V_0$. Allora:

$$a\pi + b\omega = v = vP = a\pi + b\omega P. \quad (2.31)$$

Quindi $b\omega P = b\omega$. Deve valere $b \neq 0$ perché se fosse $b = 0$ avremmo che $\omega P = \omega$ e quindi $\lambda = 1$ mentre sappiamo che deve essere $\lambda < 1$. Da ciò concludiamo che $v = a\pi \in V_1$.

Se P é una matrice di transizione per la quale $\dim V_1 = 1$, ogni altro autovalore di P ha modulo minore di 1 e v é un vettore di componenti non negative a somma 1, allora $\lim_{n \rightarrow \infty} vP^n = \pi$.

Il vettore $(v - \pi) \in V_0$ perché la somma delle sue componenti é uguale a 0. L'operatore lineare $w \rightarrow wP$ opera in V_0 per il primo punto e per ipotesi gli autovalore di questo operatore ristretto a V_0 hanno tutti modulo < 1 . Ciò implica che $\forall w \in V_0$ si ha $\lim_{n \rightarrow \infty} \|wP^n\| = 0$; in particolare $\lim_{n \rightarrow \infty} \|(v - \pi)P^n\| = 0$. Abbiamo quindi:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} vP^n = \lim_{n \rightarrow \infty} (v - \pi + \pi)P^n = \pi + \lim_{n \rightarrow \infty} (v - \pi)P^n = \pi. \quad (2.32)$$

Se P è regolare, allora, per un opportuno n , risulta che la matrice P^n è una matrice di transizione a termini positivi alla quale possiamo applicare i precedenti risultati. \square

Modelli a tempo discreto

3.1 Il modello SIS

Il modello che studieremo inizialmente è chiamato SIS e descrive l'evoluzione di un'infezione (o malattia) all'interno di una popolazione divisa in due classi: i suscettibili S , ossia gli individui sani che possono contrarre l'infezione, e gli infetti I . Il modello descrive una malattia con tempo di incubazione nullo, ovvero gli individui che contraggono l'infezione vengono immediatamente considerati infetti.

Tale modello è descritto dal seguente sistema di due ODE:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\frac{\alpha SI}{N} + \beta I \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = \frac{\alpha SI}{N} - \beta I \end{cases} \quad (3.33)$$

considerando la popolazione di suscettibili ed infetti costanti e pari ad N ; questa restrizione è sensata se il modello descrive la popolazione per periodi temporali brevi. \dot{S} , \dot{I} rappresentano rispettivamente le velocità di crescita/decrecita delle due classi.

Legenda dei parametri del sistema (assunti tutti positivi):

α : tasso di trasmissione della malattia (infection rate); la trasmissione dell'infezione è proporzionale agli incontri binari tra suscettibili ed infetti.

β : tasso di guarigione naturale, che permette agli infetti di tornare ad essere suscettibili; in questo modello guarire dalla malattia non conferisce immunità, ovvero un infetto che guarisce torna suscettibile e potrà contrarre nuovamente l'infezione.

3.1.1 Analisi del modello SIS differenziale

Si considerino, ovviamente, solo valori non negativi per S e I .

Gli equilibri del sistema, ottenuti ponendo \dot{S} e \dot{I} uguali a zero, sono:

$$E_0 = (S, 0) = (N, 0) \quad (3.34)$$

$$E_1 = \left(\frac{\beta}{\alpha}N, I\right) = \left(\frac{\beta}{\alpha}N, N - \frac{\beta}{\alpha}N\right) = \left(\frac{\beta}{\alpha}N, N\left(1 - \frac{\beta}{\alpha}\right)\right) \quad (3.35)$$

Il sistema presenta una isoclina doppia $S = \frac{\beta}{\alpha}N$ che annulla entrambe le equazioni e di conseguenza l'intero campo vettoriale, risultando di fatto una retta di possibili equilibri; ma poiché deve valere anche $N = S + I$ avremo che solo un punto E_1 di questa retta è equilibrio del sistema.

Studiando il segno del campo vettoriale troviamo che:

$$\begin{aligned} \dot{I} &> 0 \\ I\left(\frac{\alpha S}{N} - \beta\right) &> 0 \\ S &> \frac{\beta}{\alpha}N \end{aligned} \tag{3.36}$$

e

$$\begin{aligned} \dot{S} &> 0 \\ I\left(\beta - \frac{\alpha S}{N}\right) &> 0 \\ S &< \frac{\beta}{\alpha}N \end{aligned} \tag{3.37}$$

Studiamo ora la stabilità degli equilibri con il primo metodo di Lyapunov: linearizzato il sistema, studiamo il segno degli autovalori della matrice Jacobiana. Prima di far ciò, scriviamo il sistema in una forma più comoda per i calcoli che seguiranno utilizzando la relazione $S + I = N$:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\frac{\alpha S(N-S)}{N} + \beta(N-S) \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = \frac{\alpha(N-I)I}{N} - \beta I \end{cases} \tag{3.38}$$

Calcoliamo la matrice Jacobiana del sistema:

$$Jac = \begin{bmatrix} -\alpha + 2\alpha\frac{S}{N} - \beta & 0 \\ 0 & \alpha - 2\alpha\frac{I}{N} - \beta \end{bmatrix}$$

Gli autovalori della matrice Jacobiana calcolata in E_0 sono $\lambda_1 = \lambda_2 = \alpha - \beta$, dal criterio 1.8 abbiamo che E_0 è un equilibrio asintoticamente stabile se e solo se $\beta > \alpha$ ed in tal caso $E_1 = (S_1, I_1)$ non esisterebbe perché avremmo $S_1 > N$ ed $I_1 < 0$. Viceversa, la matrice Jacobiana calcolata in E_1 ha autovalori $\lambda_1 = \lambda_2 = \beta - \alpha$, di conseguenza E_1 è un equilibrio asintoticamente stabile se e solo se $\beta < \alpha$, inesistente altrimenti.

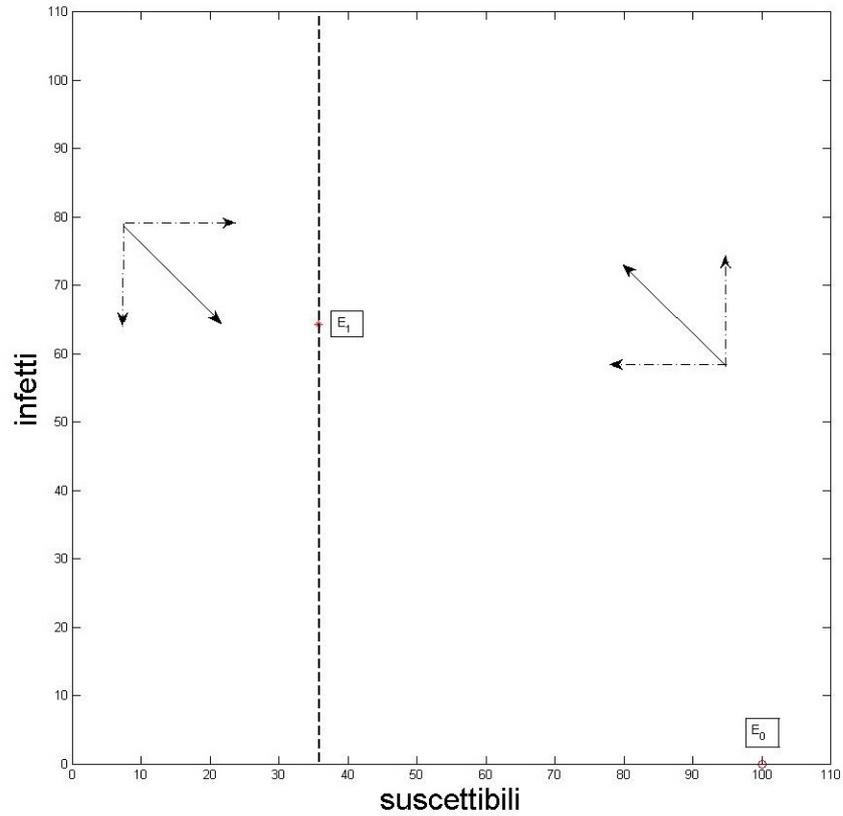


Figura 3.1: Equilibri, isocline e campo vettoriale del modello SIS. In rosso gli equilibri; $N = 100$, $a = 14\%$ e $b = 5\%$.

3.1.2 SIS stocastico

Consideriamo la matrice di transizione:

$$T = \begin{bmatrix} 1 - a & a \\ b & 1 - b \end{bmatrix} \quad (3.39)$$

Data la distribuzione iniziale:

$$p(0) = [p_s(0); p_i(0)] \quad (3.40)$$

Si ha che:

$$p(t+1) = p(t)T \quad (3.41)$$

Svolgendo i calcoli si ottiene:

$$\begin{cases} p_s(t+1) = bp_i(t) + (1-a)p_s(t) \\ p_i(t+1) = ap_s(t) + (1-b)p_i(t) \end{cases} \quad (3.42)$$

equivalentemente:

$$\begin{cases} p_s(t+1) - p_s(t) = bp_i(t) - ap_s(t) \\ p_i(t+1) - p_i(t) = ap_s(t) - bp_i(t) \end{cases} \quad (3.43)$$

Da cui notiamo che prendendo

$$b = \beta\Delta t$$

$$a = \alpha p_i(t)\Delta t$$

$$p(t + \Delta t) = p(t)T$$

e passando al limite per $\Delta t \rightarrow 0$ otteniamo:

$$\begin{cases} \dot{p}_s(t) = \beta p_i(t) - \alpha p_i(t)p_s(t) \\ \dot{p}_i(t) = \alpha p_i(t)p_s(t) - \beta p_i(t) \end{cases} \quad (3.44)$$

ossia l'analogo stocastico del modello SIS differenziale.

3.1.3 Analisi del modello SIS stocastico

La matrice di transizione, relativa ad un singolo individuo, risulta essere:

$$T = \begin{bmatrix} 1 - \alpha \frac{i}{N} & \alpha \frac{i}{N} \\ \beta & 1 - \beta \end{bmatrix}$$

Gli stati della DTMC sono rispettivamente “Suscettibile” e “Infetto” e sono entrambi ricorrenti tranne nel caso limite in cui $i = 0 \vee \alpha = 0$ in cui “Suscettibile” diventa assorbente e “Infetto” transitorio.

Dalla matrice di transizione, possiamo disegnare un diagramma a blocchi:

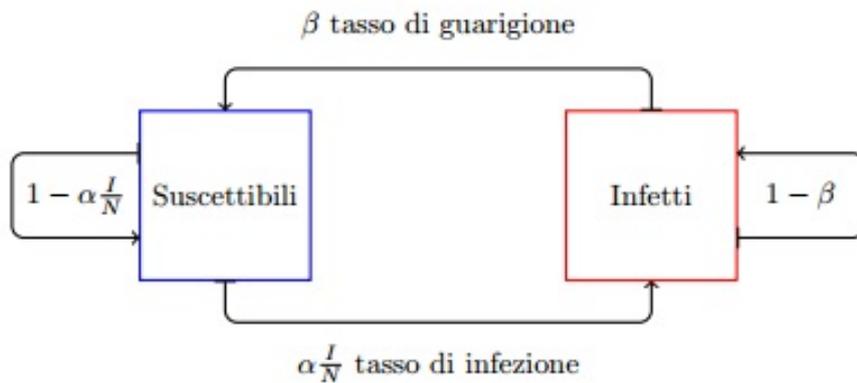


Figura 3.2: Comportamento schematico del modello SIS

Calcoliamo la distribuzione invariante π per il modello SIS; dalla matrice di transizione e dalla condizione $S + I = N$ otteniamo:

$$\begin{cases} (1 - \frac{\alpha I}{N})S + \beta I = S \\ \frac{\alpha I}{N}S + (1 - \beta)I = I \\ S + I = N \end{cases}$$

Risolvendo si ricava $S = \frac{\beta N}{\alpha}$ e $I = N(1 - \frac{\beta}{\alpha})$ ed $S = N$ e $I = 0$; il che mostra che gli equilibri per le due modellizzazioni sono gli stessi.

3.1.4 Simulazioni del modello SIS

Tutte le simulazioni che seguiranno sono svolte con Matlab, le soluzioni differenziali sono calcolate con la funzione di sistema *ode45* che implementa un metodo Runge-Kutta a passo variabile, le soluzioni stocastiche sono, invece, ottenute tramite un codice riportato in appendice.

Con la linea continua sono riportate le soluzioni numeriche ottenute con i modelli differenziali, con gli asterischi le soluzioni numeriche dei modelli stocastici. Vengono riportati solo grafici “interessanti” in cui i comportamenti dei due modelli differiscono; la maggior parte delle simulazioni, che presentano soluzioni numeriche molto simili per i due modelli, non sono state riportate perché non forniscono interessanti spunti di riflessione.

Il passo temporale delle simulazioni stocastiche è pari ad 1 poiché sono basate sulle equazioni 3.42.

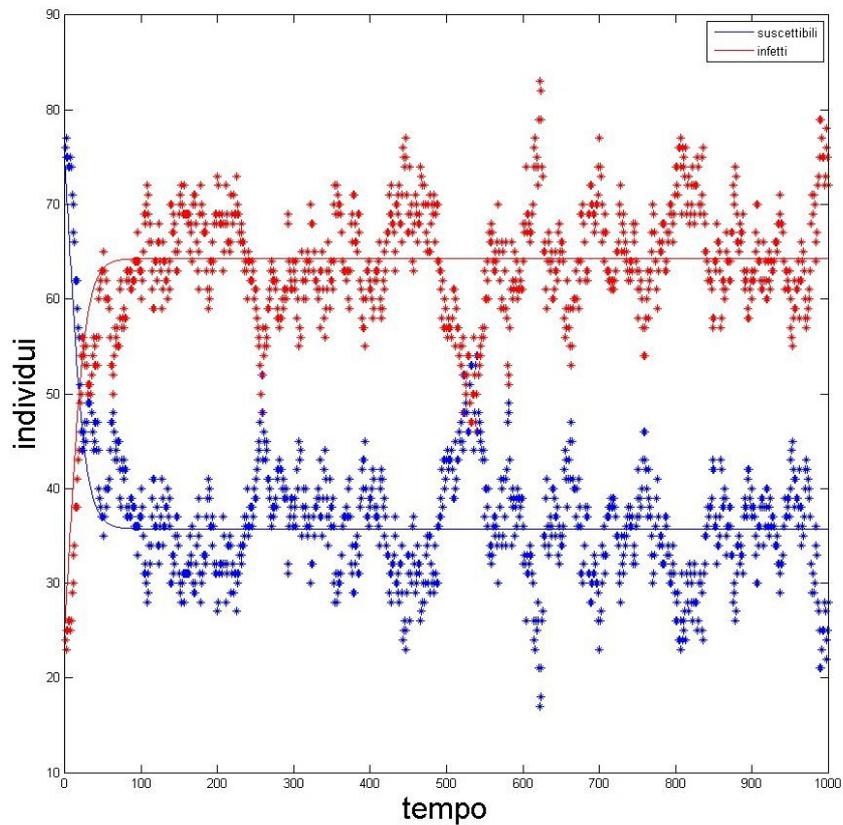


Figura 3.3: SIS. $a=0.14$; $b=0.05$; $N=100$

Dati parametri grandi ($a = 14\%$ e $b = 5\%$), la possibile dispersione dei dati sul modello stocastico lo rende difficilmente confrontabile con il suo corrispettivo differenziale. Il modello differenziale si stabilizza all'equilibrio E_1 di coesistenza tra suscettibili ed infetti, il modello stocastico continua ad assumere valori nelle vicinanze degli equilibri, ma poiché suscettibili ed infetti sono numericamente "vicini" all'equilibrio, i valori assunti dalle classi del modello stocastico possono essere discordi rispetto alle previsioni fatte con il modello differenziale. Si noti come in un intorno di $t = 550$ i suscettibili del modello stocastico siano più degli infetti dello stesso modello, in disaccordo con le previsioni del modello differenziale.

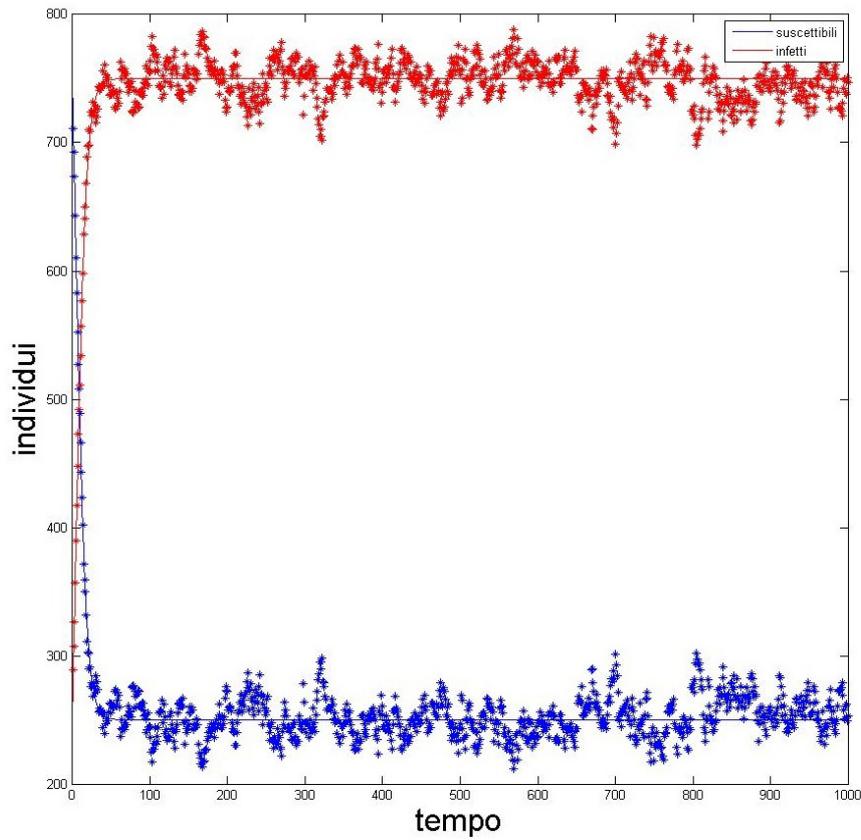


Figura 3.4: SIS. $a=0.2$; $b=0.05$; $N=1000$

I parametri, e quindi la dispersione del modello stocastico, restano grandi ma, data la distanza delle due popolazioni all'equilibrio, questa simulazione non presenta fenomeni di sovrapposizione o di previsioni fortemente discordanti.

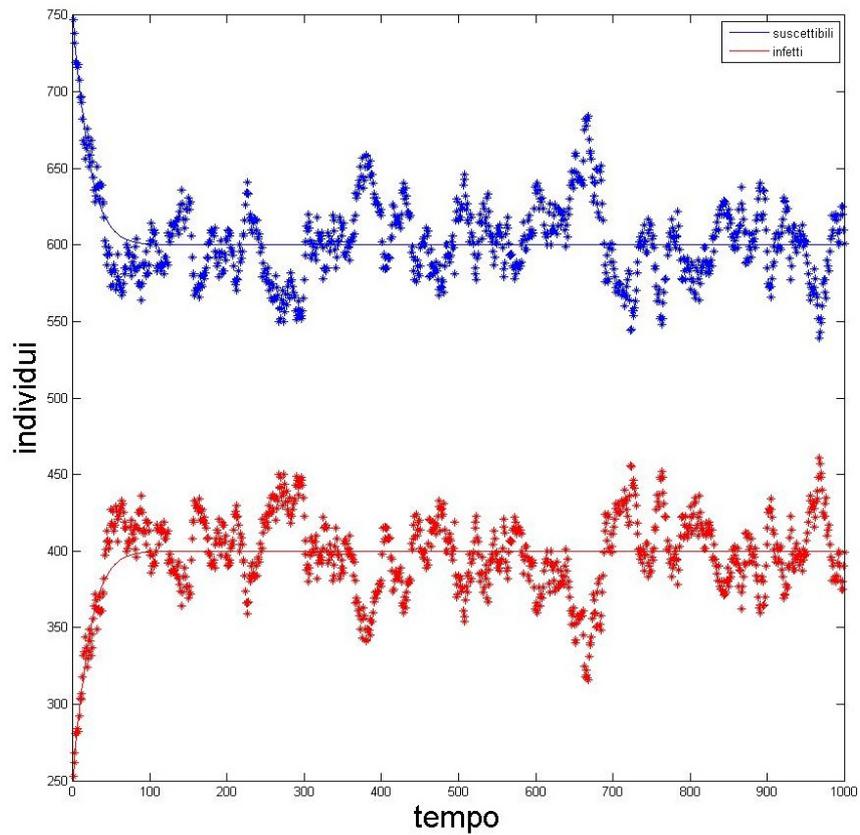


Figura 3.5: SIS. $a=0.15$; $b=0.09$; $N=1000$

Le conclusioni su questa simulazione sono del tutto analoghe a quelle della simulazione precedente. Si noti solo che, dato un b maggiore ed un a minore dei precedenti, l'equilibrio diventa a vantaggio della popolazione dei suscettibili e non più degli infetti.

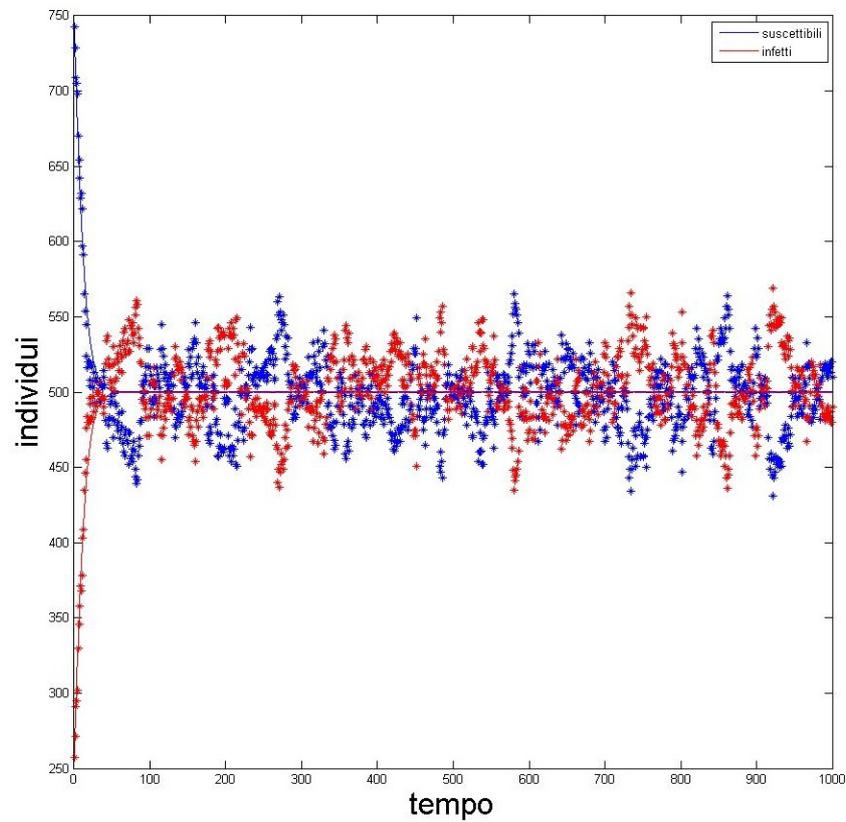


Figura 3.6: SIS. $a=0.24$; $b=0.12$; $N=1000$

Poiché $\frac{b}{a} = \frac{1}{2}$ ed $N = 1000$ l'equilibrio é di 500 unità per popolazione. I parametri restano però grandi e, quindi, i risultati stocastici variano fortemente in un intorno della soluzione, rendendo di fatto differenti e difficilmente confrontabili i comportamenti dei due modelli all'equilibrio.

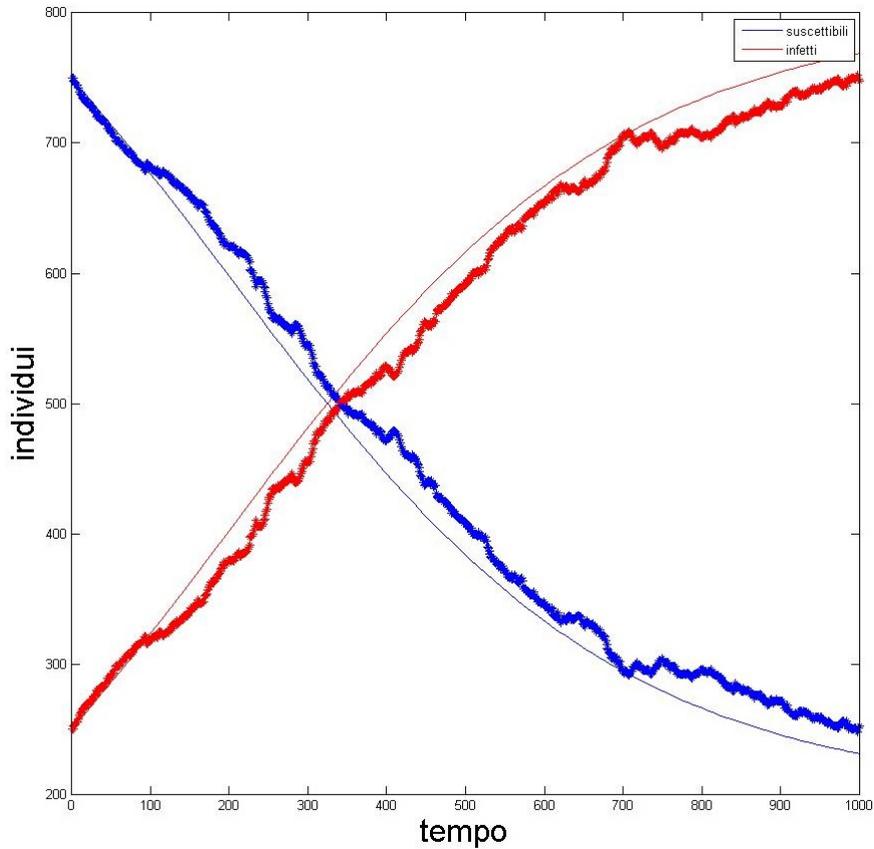


Figura 3.7: SIS. $a=0.005$; $b=0.001$; $N=1000$

I parametri piú piccoli dei precedenti smorzano lievemente la dispersione sui risultati stocastici. Possiamo notare, inoltre, che l'intersezione tra le curve delle popolazioni avviene in un tempo maggiore per il modello stocastico rispetto a quello differenziale. I valori dei suscettibili ed infetti del modello stocastico sono rispettivamente maggiori e minori degli stessi del modello differenziale dopo un certo tempo. Con queste informazioni, osservando il grafico, possiamo dire che in un intorno di $t = 100$ si é verificata una sfasatura temporale tra i due modelli, la quale, per quanto piccola, fa si che al termine della simulazione i risultati finali dei due modelli abbiano una distanza di circa 20 unitá.

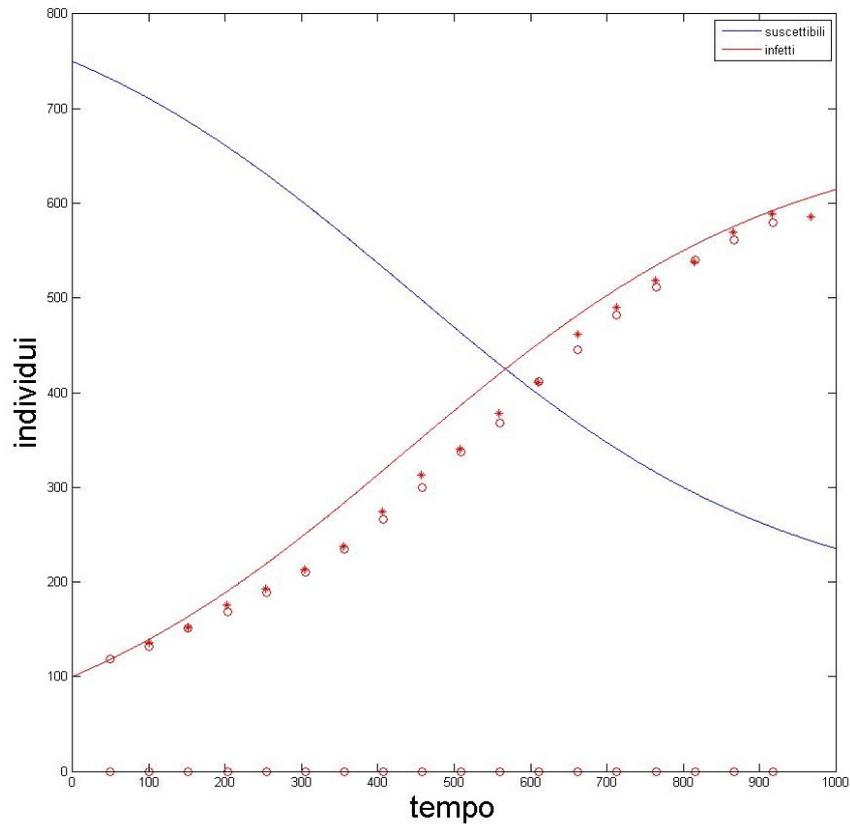


Figura 3.8: SIS con media mobile. $a=0.005$; $b=0.001$; $N=1000$. Ampiezza media mobile 100.

Cercando di rendere meno dispersi i dati si é provato ad utilizzare una media mobile non pesata sui valori probabilistici. I cerchi rossi sono i valori degli infetti calcolati con una media mobile di ampiezza 100, gli asterischi i valori stocastici negli stessi tempi dei valori della media. Come si puó osservare la media fornisce risultati molto vicini agli stessi valori stocastici, anzi, per certi tempi i valori della media si discostano maggiormente dalle soluzioni differenziali rispetto i volori probabilistici. Svolgendo altre simulazioni con ampiezza della media mobile maggiori otteniamo risultati analoghi.

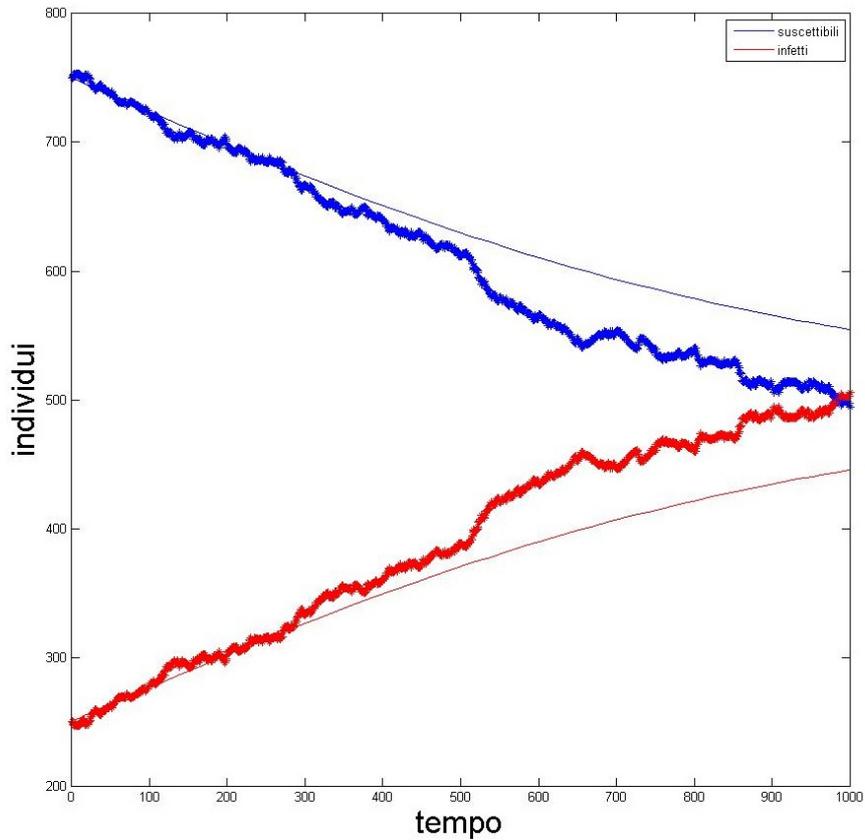


Figura 3.9: SIS. $a=0.0042$; $b=0.0021$; $N=1000$

Analogamente ad una precedente simulazione si ha una sfasatura, in questo caso il modello stocastico anticipa quello differenziale. A causa di questa sfasatura, al termine della simulazione, le “curve” del modello stocastico si sono intersecate mentre quelle del modello differenziale si sarebbero intersecate per tempi maggiori di quello in cui è stata arrestata la simulazione; troviamo quindi, al tempo finale $t = 1000$, che la simulazione differenziale presenta $S > I$ ed il viceversa per la simulazione stocastica.

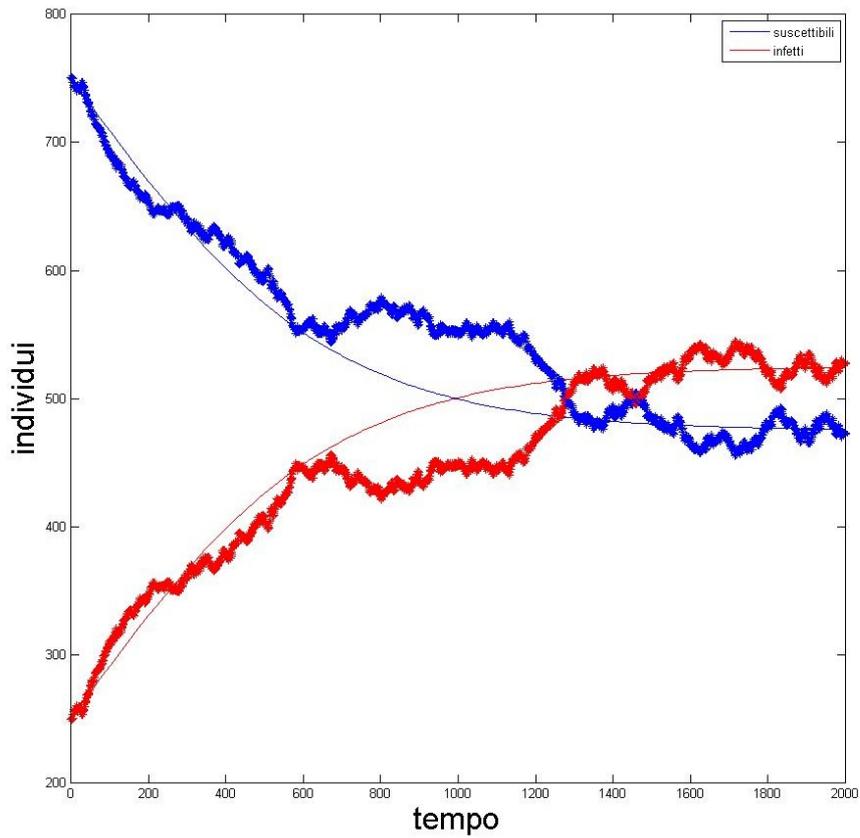


Figura 3.10: SIS. $a=0.0059$; $b=0.0028$; $N=1000$

Oltre ad un forte fenomeno di sfasatura, le soluzioni del modello stocastico si intersecano una seconda ed una terza volta in un intorno di $t = 1450$. Se avessimo considerato le due simulazioni solo per $t \in [600, 1600]$ gli andamenti sarebbero risultati così contrastanti da poter pensare che non fossero derivate dallo stesso modello.

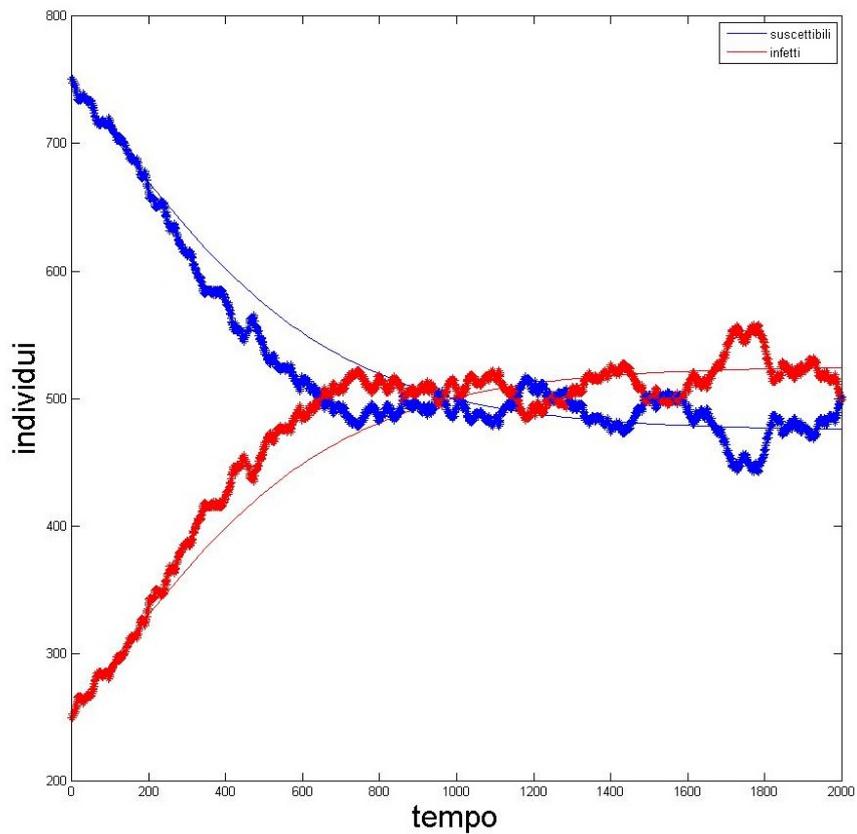


Figura 3.11: SIS. $a=0.0059$; $b=0.0028$; $N=1000$

In analogia alla prima simulazione, le popolazioni all'equilibrio del modello differenziale sono vicine tra loro e le soluzioni del modello stocastico “oscillano” intersecandosi numerose volte; talvolta, come in un intorno di $t = 1200$, intersecando anche le soluzioni del modello differenziale. Si noti che i parametri di questa simulazione sono i medesimi della precedente.

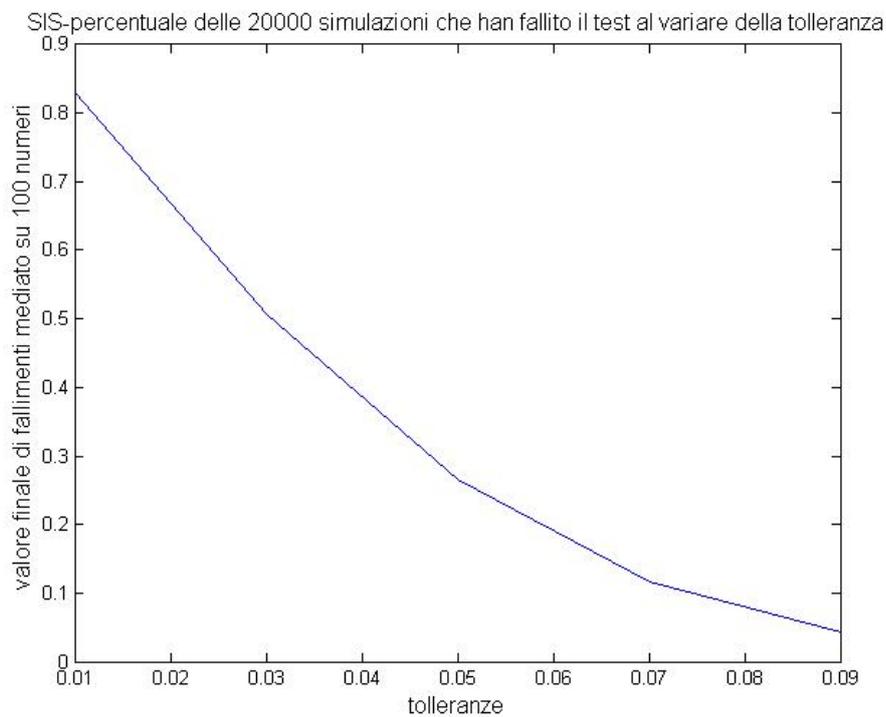


Figura 3.12: SIS. Controllo distanza tra i modelli differenziale e stocastico per $a=0.0042$; $b=0.0021$; $N=1000$

Lanciando 20000 simulazioni stocastiche si é controllato quante di queste, all'equilibrio, presentavano un errore relativo (tra stocastico e differenziale) minore di una data tolleranza. Variando la tolleranza ed i parametri di sistema a , b ed N si son costruiti vari grafici che presentano andamenti simili tra loro.

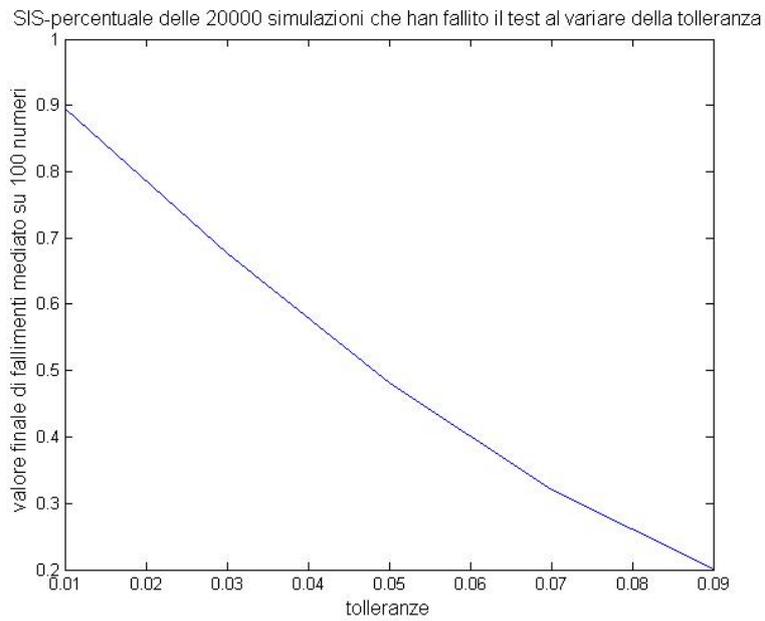


Figura 3.13: SIS. Controllo distanza tra i modelli differenziale e stocastico per $a=0.005$; $b=0.001$; $N=1000$

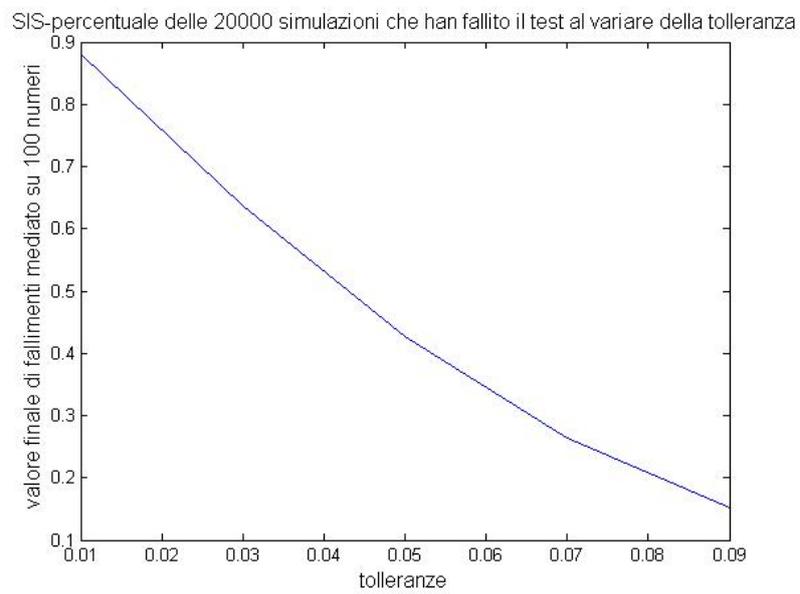


Figura 3.14: SIS. Controllo distanza tra i modelli differenziale e stocastico per $a=0.2$; $b=0.05$; $N=1000$

3.2 Il modello SIR

Il modello SIR descrive l'evoluzione di un'infezione (o malattia) all'interno di una popolazione divisa in tre classi: i suscettibili S , ossia gli individui sani che possono contrarre l'infezione, gli infetti I e i rimossi R che sono composti sia dagli individui deceduti a causa della malattia sia da coloro che, una volta guariti, hanno sviluppato l'immunità. Il modello descrive una malattia con tempo di incubazione nullo, ovvero gli individui che contraggono l'infezione vengono immediatamente considerati infetti.

Tale modello è descritto dal seguente sistema di tre ODE:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\frac{\alpha SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = \frac{\alpha SI}{N} - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \dot{R} = \beta I \end{cases} \quad (3.45)$$

considerando la popolazione di suscettibili, infetti e rimossi costante: $S + I + R = N$; questa restrizione è sensata se il modello descrive la popolazione per periodi temporali brevi. Legenda dei parametri del sistema (assunti tutti positivi):

α : tasso di trasmissione della malattia (infection rate); la trasmissione dell'infezione è proporzionale agli incontri binari tra suscettibili ed infetti.

β : tasso di rimozione, somma dei tassi di mortalità e guarigione.

3.2.1 Analisi del modello SIR differenziale

Si considerino, ovviamente, solo valori non negativi per S e I ; si trascuri R poiché la popolazione è costante e qualora si volesse conoscere R lo si può ricavare da $R = N - S - I$.

Gli equilibri del sistema sono:

$$E_0 = (S, 0) = (N - R, 0, R) \quad (3.46)$$

e

$$E_1 = \left(\frac{N\beta}{\alpha}, 0\right) = \left(\frac{N\beta}{\alpha}, 0, N\left(1 - \frac{\beta}{\alpha}\right)\right) \quad (3.47)$$

che risulta essere solo un caso particolare del più generico E_0 .

Studiando il segno del campo vettoriale troviamo che:

$$\begin{aligned} \dot{I} &> 0 \\ I\left(\frac{\alpha S}{N} - \beta\right) &> 0 \\ S &> \frac{\beta}{\alpha}N \end{aligned} \quad (3.48)$$

e $\dot{S} > 0$ mai. Il sistema presenta, quindi, una isoclina in $S = \frac{\beta}{\alpha}N$ in cui il campo vettoriale é parallelo ad S .

Studiamo ora la stabilit  degli equilibri con il primo metodo di Lyapunov, ma prima di far ci , come nel caso precedente, scriviamo il sistema in una forma pi  comoda per i calcoli futuri utilizzando la relazione $S + I + R = N$:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\frac{\alpha S(N-S-R)}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = \frac{\alpha(N-I-R)I}{N} - \beta I \end{cases} \quad (3.49)$$

Calcoliamo la matrice Jacobiana del sistema:

$$Jac = \begin{bmatrix} -\alpha + 2\alpha\frac{S}{N} + \alpha\frac{R}{N} & 0 \\ 0 & \alpha - 2\alpha\frac{I}{N} - \alpha\frac{R}{N} - \beta \end{bmatrix}$$

La matrice Jacobiana calcolata in E_0  :

$$Jac(E_0) = \begin{bmatrix} \alpha(1 - \frac{R}{N}) & 0 \\ 0 & \alpha(1 - \frac{R}{N}) - \beta \end{bmatrix}$$

Il primo autovalore   $\lambda_1 = \alpha(1 - \frac{R}{N}) > 0$ e quindi E_0 risulta essere un equilibrio instabile per il criterio 1.8.

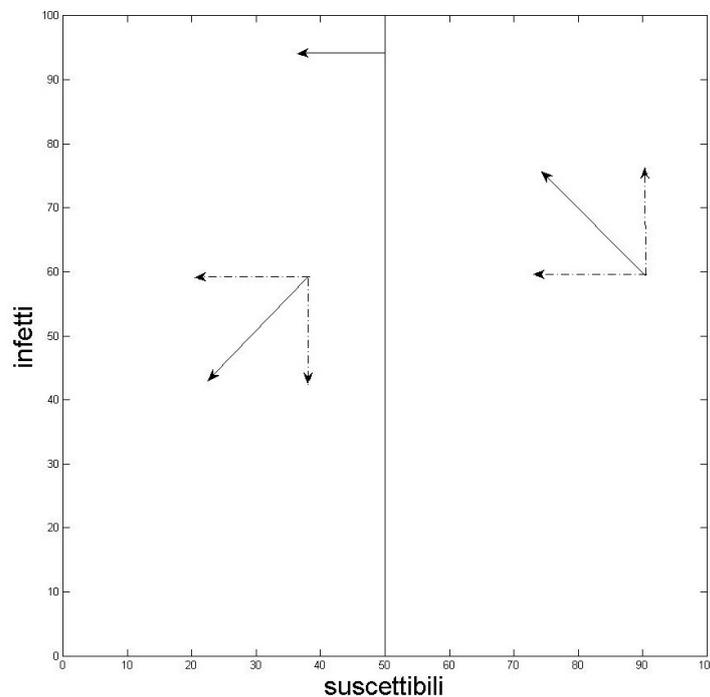


Figura 3.15: Equilibri, isoclina e campo vettoriale del modello SIR. In nero l'isoclina; $N = 100$, $a = 50\%$ e $b = 25\%$.

3.2.2 SIR stocastico

Consideriamo la matrice di transizione:

$$T = \begin{bmatrix} 1 - a & a & 0 \\ 0 & 1 - b & b \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (3.50)$$

Data la distribuzione iniziale:

$$p(0) = [p_s(0); p_i(0); p_r(0)] \quad (3.51)$$

Si ha che:

$$p(t + 1) = p(t)T \quad (3.52)$$

Svolgendo i calcoli si ottiene:

$$\begin{cases} p_s(t + 1) = (1 - a)p_s(t) \\ p_i(t + 1) = ap_s(t) + (1 - b)p_i(t) \\ p_r(t + 1) = bp_i(t) + p_r(t) \end{cases} \quad (3.53)$$

equivalentemente:

$$\begin{cases} p_s(t + 1) - p_s(t) = -ap_s(t) \\ p_i(t + 1) - p_i(t) = ap_s(t) - bp_i(t) \\ p_r(t + 1) - p_r(t) = bp_i(t) \end{cases} \quad (3.54)$$

Da cui notiamo che prendendo

$$b = \beta\Delta t$$

$$a = \alpha p_i(t)\Delta t$$

$$p(t + \Delta t) = p(t)T$$

e passando al limite per $\Delta t \rightarrow 0$ otteniamo:

$$\begin{cases} \dot{p}_s(t) = -\alpha p_i(t)p_s(t) \\ \dot{p}_i(t) = \alpha p_i(t)p_s(t) - \beta p_i(t) \\ \dot{p}_r(t) = \beta p_i(t) \end{cases} \quad (3.55)$$

ossia l'analogo stocastico del modello SIR differenziale.

3.2.3 Analisi del modello SIR stocastico

La matrice di transizione, relativa ad un singolo individuo, risulta essere:

$$T = \begin{bmatrix} 1 - \alpha \frac{i}{N} & \alpha \frac{i}{N} & 0 \\ 0 & 1 - \beta & \beta \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Gli stati della DTMC sono rispettivamente “Suscettibile”, “Infetto” e “Rimosso”; i primi due sono entrambi transitori, mentre il terzo é assorbente, tranne nel caso limite in cui $i = 0$ in cui anche “Suscettibile” diventa assorbente. Dalla matrice di transizione, possiamo disegnare un diagramma a blocchi:

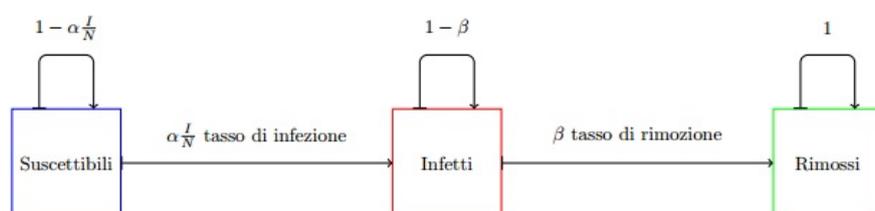


Figura 3.16: Comportamento schematico del modello SIR

Calcoliamo la distribuzione invariante π per il modello SIR; dalla matrice di transizione e dalla condizione $S + I + R = N$ otteniamo:

$$\begin{cases} (1 - \frac{\alpha I}{N})S = S \\ \frac{\alpha I}{N}S + (1 - \beta)I = I \\ \beta I + R = R \\ S + I + R = N \end{cases}$$

Risolvendo si trovano gli equilibri E_0 ed E_1 come nella modellizzazione differenziale.

3.2.4 Simulazioni del modello SIR

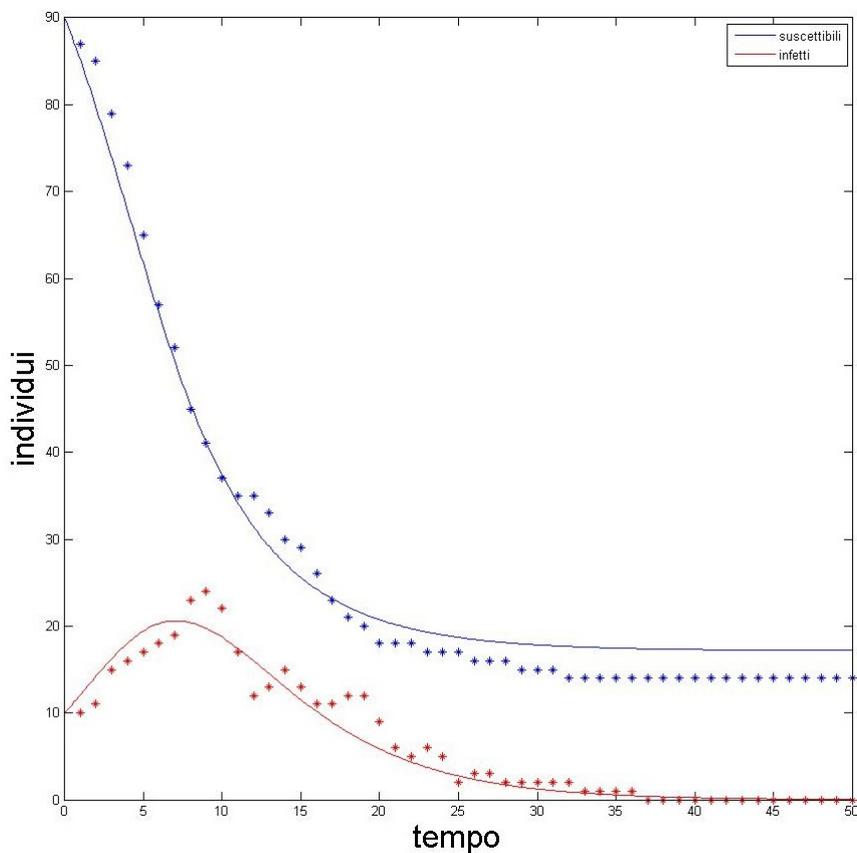


Figura 3.17: SIR. $a=0.5$; $b=0.25$; $N=100$

L'andamento delle due simulazioni é analogo. La simulazione stocastica presenta un picco degli infetti piú alto e sfasato temporalmente in avanti, inoltre i suscettibili all'equilibrio risultano essere in numero minore per la simulazione stocastica rispetto alle previsioni del modello differenziale.

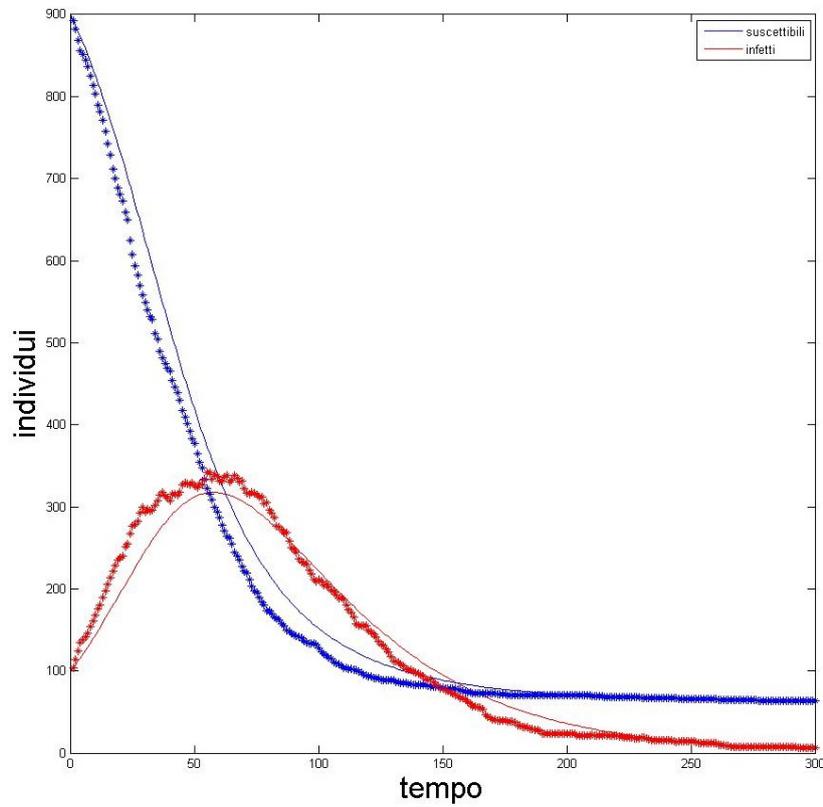


Figura 3.18: SIR. $a=0.071$; $b=0.025$; $N=1000$

In questa simulazione i due modelli presentano soluzioni lievemente distanti ma, per tempi lunghi, tale divario va sparendo fino a raggiungere i medesimi valori all'equilibrio.

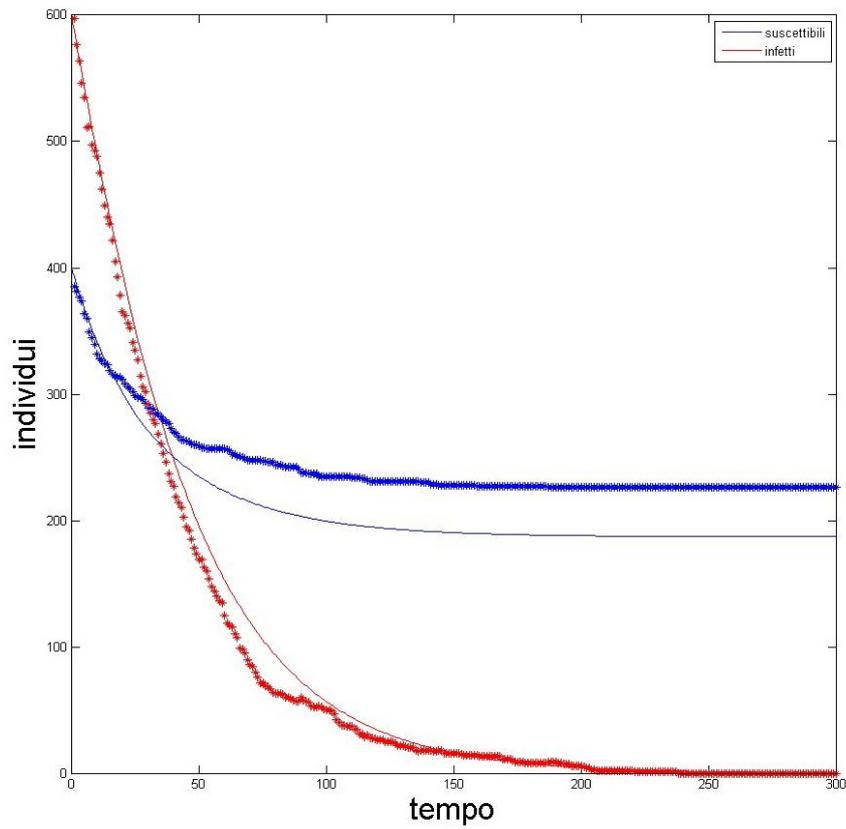


Figura 3.19: SIR. $a=0.029$; $b=0.031$; $N=1000$

In questa simulazione la probabilità ha giocato a favore dei suscettibili, portando più velocemente gli infetti nella classe dei rimossi risulta che il numero dei suscettibili all'equilibrio sia più alto rispetto a quello previsto dal modello differenziale.

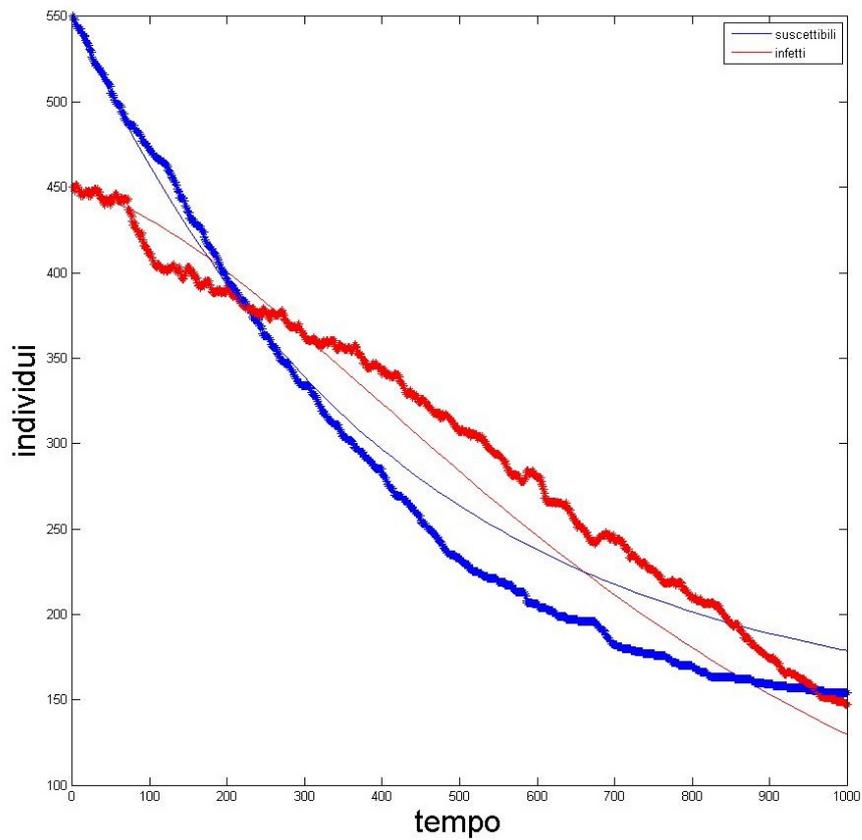


Figura 3.20: SIR. $a=0.0039$; $b=0.0024$; $N=1000$

In questa simulazione, invece, la probabilità ha giocato a favore degli infetti; infatti, rispetto al modello differenziale, molti più suscettibili sono stati infettati e quindi l'intersezione delle soluzioni nel modello stocastico viene posticipata di oltre 230 unità temporali.

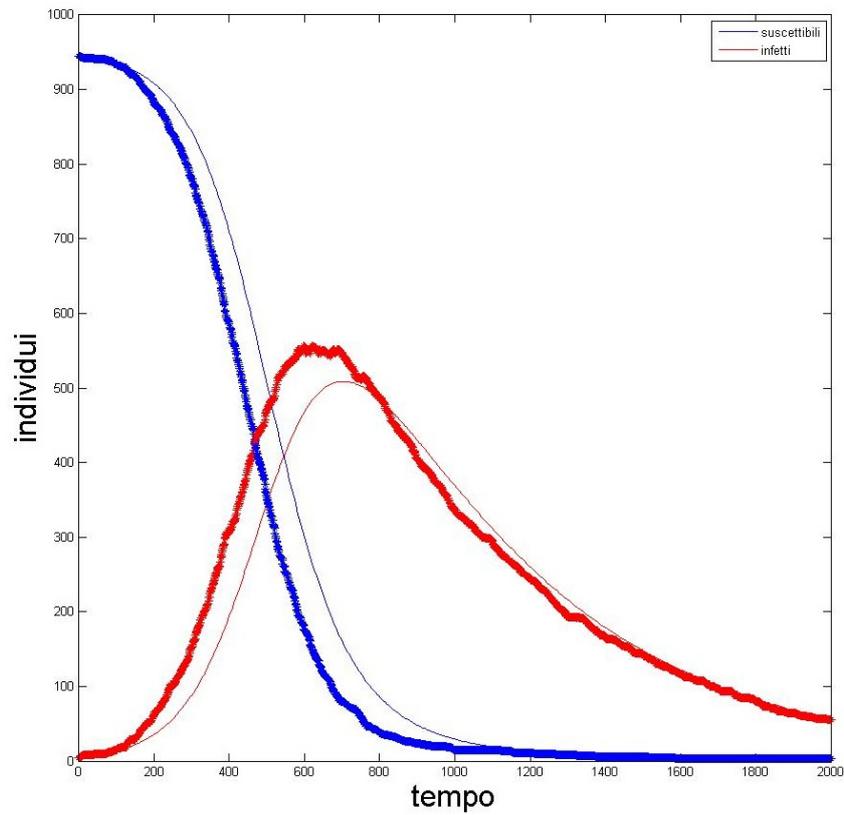


Figura 3.21: SIR. $a=0.012$; $b=0.002$; $N=1000$

In questa simulazione si può vedere una importante sfasatura temporale tra i due modelli che però interessa solo la zona tra $t = 200$ e $t = 1000$; così come la casualità ha inizialmente anticipato il modello differenziale poi ha fatto sì che le due simulazioni tornassero ad essere “in fase”.

3.3 Epidemia di influenza in una scuola superiore inglese

Il 4 marzo 1978, il British Medical Journal pubblicò un articolo, con statistiche dettagliate, riguardo un'epidemia di influenza scoppiata in una scuola superiore situata nel nord dell'Inghilterra. La scuola contava 763 iscritti, 512 dei quali vennero confinati a letto durante l'epidemia che durò dal 22 gennaio al 4 febbraio 1978.

Day	Number
1	3
2	8
3	28
4	75
5	221
6	291
7	255
8	235
9	190
10	125
11	70
12	28
13	12
14	5

Figura 3.22: Dati del British Medical Journal: ragazzi confinati a letto nei singoli giorni in cui si è diffusa l'epidemia.

L'epidemia venne poi descritta tramite il seguente modello SIR a popolazione costante $N = 763$:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = \alpha SI - \beta I \\ \frac{dR}{dt} = \dot{R} = \beta I \end{cases} \quad (3.56)$$

a differenza del modello SIR precedentemente trattato non compaiono gli $\frac{1}{N}$ poiché sono integrati nella costante di infezione α .

S indica i ragazzi suscettibili all'influenza che frequentano la scuola, I i ragazzi infetti confinati a letto ed R i ragazzi guariti dall'influenza che tornano a frequentare la aule scolastiche.

Dai dati del British Medical Journal[5] si stimarono i parametri $\alpha = 0.00218$, $\beta = 0.4404$ e gli infetti al giorno zero $I_0 = 1$.

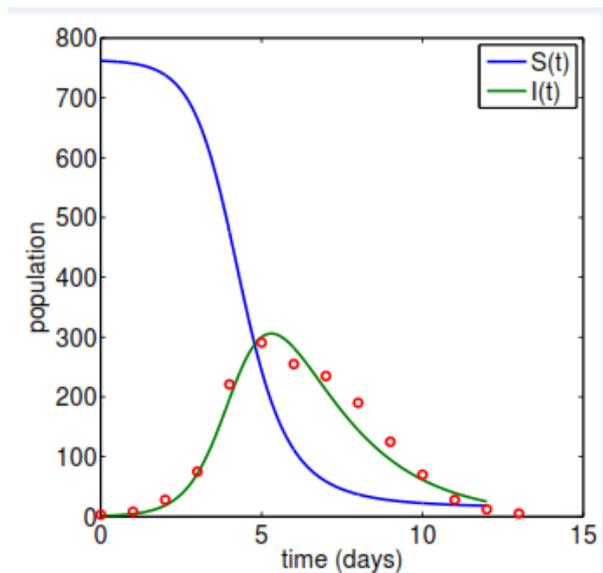


Figura 3.23: Predizioni del modello SIR differenziale confrontate con i dati reali secondo D. Sulsky.[6]

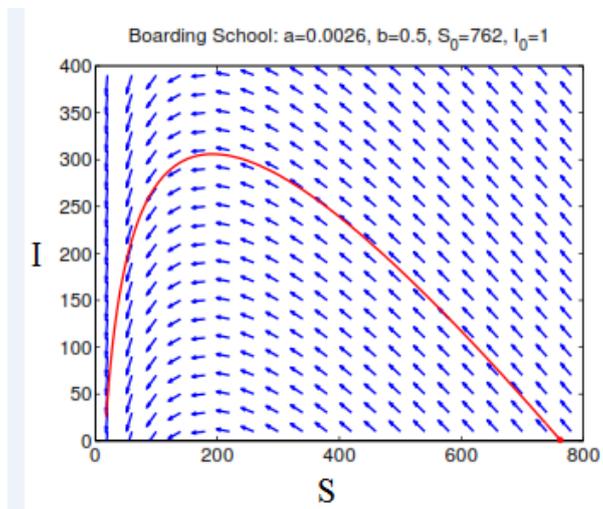


Figura 3.24: Orbite del modello SIR differenziale secondo D. Sulsky.[6]

Come si può vedere dall'ultima immagine proposta, D. Sulsky[6] ha apportato ai dati del British Medical Journal grossolani arrotondamenti, i quali rendono le sue simulazioni differenti da quelle riportate in questa tesi, che, invece, sono svolte seguendo i valori originali.

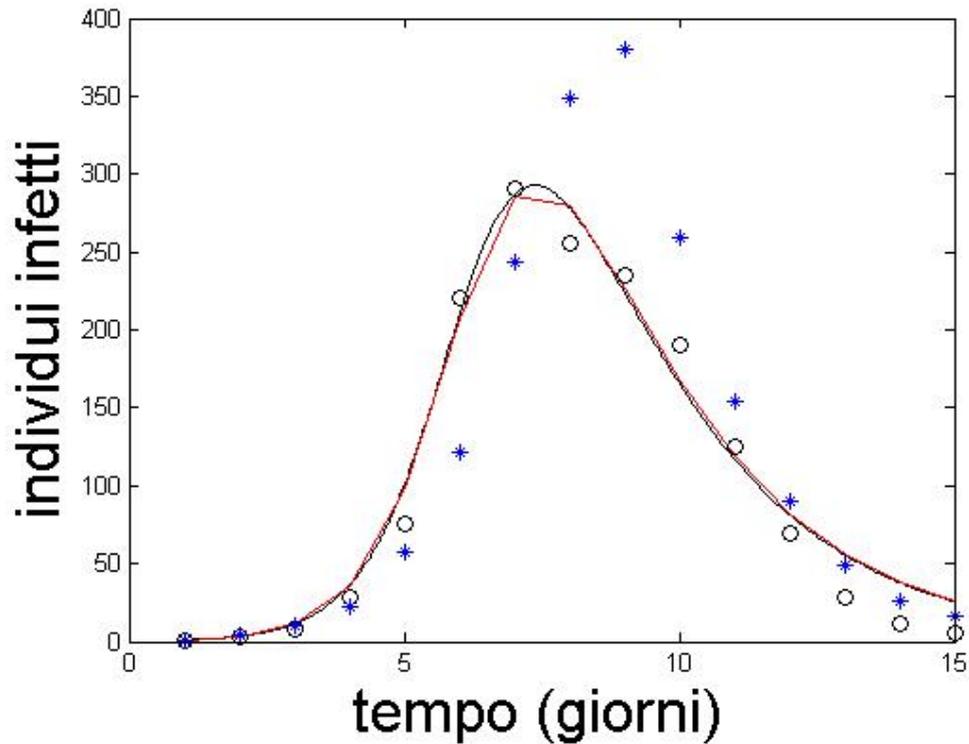


Figura 3.25: Simulazione del modello SIR dell'influenza nella scuola inglese confrontata con i dati reali. Rispettivamente segnati: con cerchi neri i dati reali, con asterischi blu le soluzioni di una simulazione stocastica, con linea continua nera le soluzioni differenziali ottenute con la funzione di sistema *ode45* e con la linea spezzata rossa le soluzioni differenziali ottenute un metodo del tipo Runge-Kutta.

Per capire quale tra differenziale e stocastico sia il modello preferibile per fare previsioni su fenomeni reali si è calcolata la distanza tra soluzione differenziale e dati reali e poi tra soluzione stocastica e dati reali. Ripetendo questo procedimento per 50000 simulazioni stocastiche e poi confrontando le distanze (errori) si è scoperto quante volte (e per quali tempi) le simulazioni stocastiche risultano migliori di quelle differenziali. Così facendo si sono ottenuti i seguenti dati:

- al tempo uno, ossia il 21 gennaio, le soluzioni, ovviamente, coincidono poiché sono i dati iniziali del nostro problema di Cauchy ($I_0 = 1$), il 22 gennaio il 21.25% delle simulazioni stocastiche è risultato migliore di quella differenziale,
- il 23 gennaio il 42.92%,
- il 24 gennaio il 12.23%,
- il 25 gennaio il 8.48%,
- il 26 gennaio solo il 0.09%,

il 27 gennaio il 0.36%,
 il 28 gennaio il 13.82%,
 il 29 gennaio il 3.38%,
 il 30 gennaio il 4.75%,
 il 31 gennaio il 1.94%,
 l'1 febbraio il 5.51%,
 il 2 febbraio il 25.59%,
 il 3 febbraio il 35.65%
 ed il 4 febbraio il 45.19%.

Per nessun tempo si ha che piú del 50% delle simulazioni stocastiche risulta migliore di quella differenziale, quindi, per questo caso, la modellizzazione differenziale risulta essere sicuramente la migliore tra le due.

```

1  function u = my_Rk4(f, y0, Ti)
2
3
4  u(:,1) = y0;
5  for i = 2 : length(Ti)
6      hn = (Ti(i) - Ti(i-1));
7
8      K1 = f(Ti(i-1), u(:,i-1));
9      K2 = f(Ti(i-1) + (hn/2), u(:,i-1) + (hn*K1/2));
10     K3 = f(Ti(i-1) + (hn/2), u(:,i-1) + (hn*K2/2));
11     K4 = f(Ti(i-1) + hn, u(:,i-1) + hn*K3);
12     u(:,i) = u(:,i-1) + (hn/6)*(K1 + 2*K2 + 2*K3 + K4);
13
14     end
15     u=u';
16 end

```

Figura 3.26: Funzione matlab Runge-Kutta con vettore dei tempi a scelta dell'utente.

Osservazione. Un esempio di funzione matlab Runge-Kutta in cui il vettore dei tempi per cui viene calcolata la soluzione é passato dall'utente, cioé ci permetterà di avere soluzioni differenziali calcolate per tempi non costanti, elemento essenziale nelle CTMC in cui i tempi non sono costanti pari ad 1 ma vengono selezionati tramite una variabile aleatoria esponenziale.

Sorge spontaneo ora chiedersi se le due modellizzazioni non debbano usare parametri differenti, poiché sono equivalenti per $\Delta t \rightarrow 0$ ma il nostro modello stocastico utilizza passi unitari quindi $\Delta t = 1$. Così, al variare dei parametri a e b , si è cercato quando lo scarto quadratico della simulazione differenziale dai dati reali osservati risulta minimo e si è scoperto che è minimo per $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$ (con valore 31.8787). I parametri trovati sono gli stessi del British Journal.

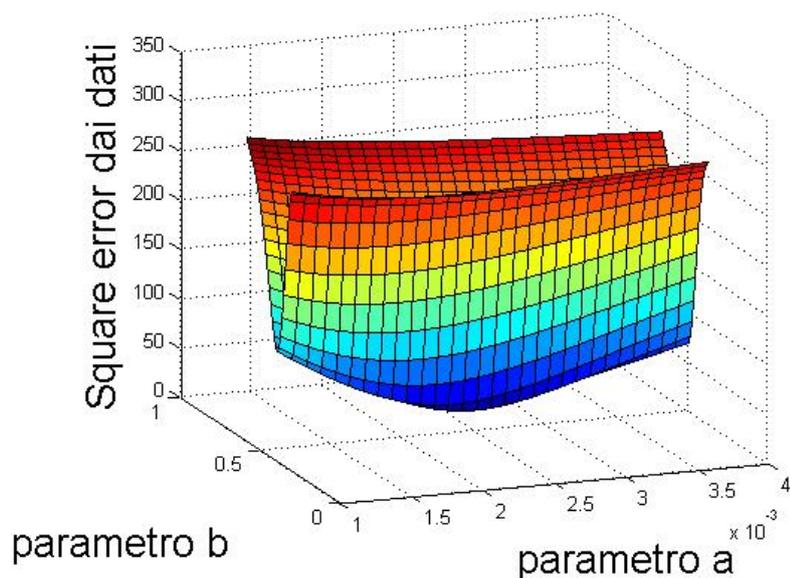


Figura 3.27: SIR-Influenza. Scarto quadratico della simulazione differenziale rispetto i dati osservati al variare dei parametri.

Si è poi cercato il minimo dello scarto quadratico su un campione di 1000 simulazioni stocastiche dai dati reali osservati e si è trovato un minimo per $a = 0.00306$ e $b = 0.584$ (di valore 150.1577).²

² $a = 0.00306$ e $b = 0.584$ sono ottenuti con un algoritmo basato sul controllo di 1000 simulazioni stocastiche con precisione su a pari a 0.00001 e su b pari a 0.001

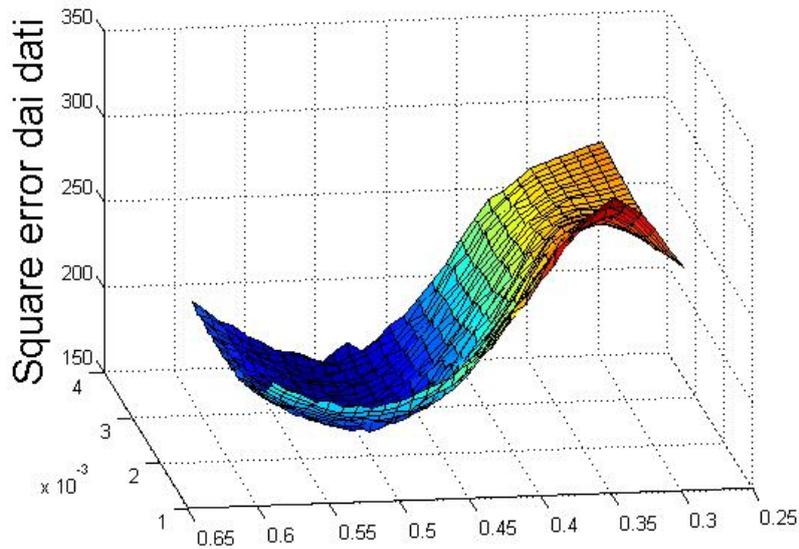


Figura 3.28: SIR-Influenza. Scarto quadratico medio delle 1000 simulazioni stocastiche rispetto i dati osservati al variare dei parametri.

Notiamo subito che lo scarto quadratico della simulazione differenziale é di un ordine di grandezza piú piccolo rispetto a quella stocastica. Inoltre, come mostrato dalla figura 3.28, il grafico dell'errore quadratico delle simulazioni stocastiche presenta creste ed increspature dovute alle poche (1000) simulazioni svolte. Ripetendo la routine aumentando a 50000 le simulazioni ma riducendo la precisione otteniamo come parametri ottimali $a = 0.0031$ e $b = 0.52$.³

³I parametri ottimali per 50000 simulazioni stocastiche sono $a = 0.0031$ e $b = 0.52$, ottenuti con un algoritmo con precisione su a pari a 0.0001 e su b pari a 0.01

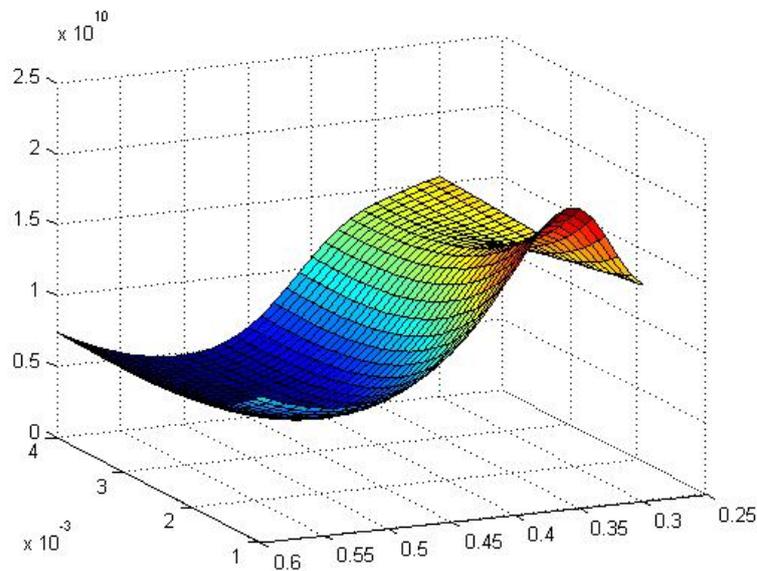


Figura 3.29: SIR-Influenza. Scarto quadratico medio delle 50000 simulazioni stocastiche rispetto i dati osservati al variare dei parametri.

Alla luce di questi dati si può sicuramente affermare che i parametri ottimali per i due modelli sono profondamente diversi.

Assegnati i parametri ottimali ad ogni simulazione si è osservato, su 50000 simulazioni, quale percentuale di simulazioni stocastiche risulta migliore della simulazione deterministica per ogni tempo, i risultati sono:

il 22 gennaio il 23.11% delle simulazioni stocastiche è risultato più vicino ai dati reali rispetto alla simulazione differenziale,

il 23 gennaio il 21.24%,

il 24 gennaio il 2.01%,

il 25 gennaio il 5.39%,

il 26 gennaio il 31.69%,

il 27 gennaio il 13.12%,

il 28 gennaio il 9.08%,

il 29 gennaio il 0.15%,

il 30 gennaio il 2.11%,

il 31 gennaio il 0.4%,

l'1 febbraio il 2.7%,

il 2 febbraio il 99.49%,

il 3 febbraio il 97.77%

ed il 4 febbraio il 99.92%.

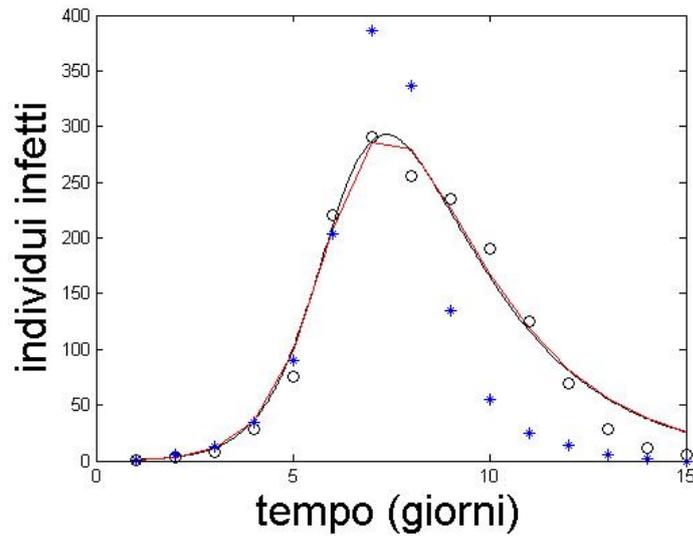


Figura 3.30: SIR-Influenza. Simulazione numerica con parametri ottimali: per la simulazione differenziale (linea rossa e linea nera) $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$, per la simulazione stocastica (asterischi blu) $a = 0.00306$ e $b = 0.584$.

	A	B	C
1	Giorno	%A	%B
2	22 gennaio	21.25%	23.11%
3	23 gennaio	42.92%	21.24%
4	24 gennaio	12.23%	2.01%
5	25 gennaio	8.48%	5.39%
6	26 gennaio	0.09%	31.69%
7	27 gennaio	0.36%	13.12%
8	28 gennaio	13.82%	9.08%
9	29 gennaio	3.38%	0.15%
10	30 gennaio	4.75%	2.11%
11	31 gennaio	1.94%	0.4%
12	1 febbraio	5.51%	2.7%,
13	2 febbraio	25.59%	99.49%
14	3 febbraio	35.65%	97.77%
15	4 febbraio	45.19%	99.92%

Figura 3.31: Tabella riassuntiva delle percentuali di simulazioni stocastiche che risultano piú vicine ai dati reali rispetto alla simulazione differenziale. Nella colonna contrassegnata con %A sono riportate le percentuali per parametri $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$ per entrambe le simulazioni, mentre nella colonna contrassegnata con %B sono riportate le percentuali per parametri $a = 0.00218$ e $b = 0.4404$ per la simulazione differenziale e $a = 0.00306$ e $b = 0.584$ per le simulazioni stocastiche.

3.4 La peste ad Eyam

Il 7 settembre 1665, il villaggio di Eyam (Inghilterra) fu colpito da un'epidemia di peste bubbonica. L'epidemia fu causata da una partita di abiti infestata da pulci infette da *Yersinia Pestis*, portata da Londra (colpita dalla pestilenza) ad Eyam da un sarto locale, George Viccars, che fu anche la prima vittima della pestilenza. Per evitare il propagarsi dell'epidemia anche nelle località limitrofe, gli abitanti di Eyam, su consiglio del parroco William Mompesson, con un gesto estremamente altruistico si misero spontaneamente in quarantena isolandosi dal resto dell'Inghilterra. Durante la quarantena, gli abitanti pagavano il cibo, lasciato ai margini del villaggio, attraverso delle ciotole disinfettate con l'aceto, dove depositavano le monete. L'emergenza cessò nel novembre del 1666: dei 350 abitanti di Eyam, ne restarono in vita solo 83, mentre le località limitrofe furono appena sfiorate dalla pestilenza. Questo avvenimento si presta fortemente ad essere modellizzato tramite un modello SIR a popolazione costante. Grazie ai dati pubblicati dal CDC (Center for Disease Control and Prevention) e dal PMC (PubMed Central the free archive of biomedical and life sciences journal literature at the U.S. National Institutes of Health's National Library of Medicine) si stima che il tasso di mortalità per la peste bubbonica non trattata è circa dell'85% mensile, mentre la probabilità di contagio per incontro con infetto sia del 0.43%; la probabilità di sviluppare immunità e sopravvivere all'epidemia è molto piccola e nel nostro modello, dove la popolazione è anch'essa piccola, non verrà considerata.

1665	September	6	May	2
	October	23	June	21
	November	5	July	56
	December	8	August	78
1666	January	4	September	24
	February	5	October	18
	March	2	November	1
	April	7		

Figura 3.32: Morti per mese a causa della peste nel villaggio di Eyam.

il Modello differenziale risulta quindi essere:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \dot{S} = -0.0043SI \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = 0.0043SI - 0.85I \\ \frac{dR}{dt} = \dot{R} = 0.85I \\ S + I + R = 350 \end{cases} \quad (3.57)$$

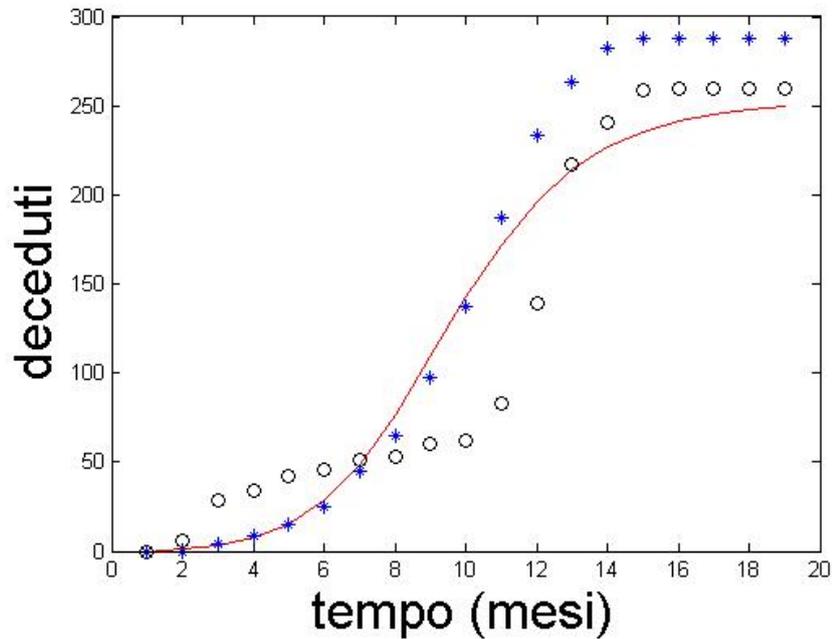


Figura 3.33: Simulazione del modello SIR della peste bubbonica confrontata con i dati reali di Eyam. Rispettivamente segnati: con cerchi neri i dati reali, con asterischi blu le soluzioni di una simulazione stocastica e con la linea spezzata rossa le soluzioni differenziali ottenute con la funzione Runge-Kutta. $I_0 = 1$.

Ripetendo 50000 simulazioni stocastiche e con un ragionamento analogo a quello usato precedentemente con l'influenza scolastica si sono determinati quanti risultati stocastici risultano più vicini ai dati reali della simulazione deterministica:

- ottobre 1665: 13.39%
- novembre 1665: 16.53%
- dicembre 1665: 14.49%
- gennaio 1666: 13.56%
- febbraio 1666: 3.07%
- marzo 1666: 33.48%
- aprile 1666: 50.89%
- maggio 1666: 80.94%
- giugno 1666: 77.01%
- luglio 1666: 30.67%
- agosto 1666: 2.92%
- settembre 1666: 16.91%
- ottobre 1666: 35.30%
- novembre 1666: 33.13%

Ovviamente la condizione iniziale $I_0 = 1$ penalizza fortemente il modello stocastico, inizializzando gli infetti a 7, come suggerito nel modello di D. Sulsky, si ottengono risultati nettamente migliori per il modello stocastico nei primi tempi ma peggiori per quello deterministico per quasi ogni tempo:

ottobre 1665: 1.52%
 novembre 1665: 82.13%
 dicembre 1665: 91.77%
 gennaio 1666: 84.76%
 febbraio 1666: 73.59%
 marzo 1666: 60.64%
 aprile 1666: 47.26%
 maggio 1666: 36.73%
 giugno 1666: 28.21%
 luglio 1666: 22.39%
 agosto 1666: 18.20%
 settembre 1666: 11.14%
 ottobre 1666: 22.69%
 novembre 1666: 20.41%

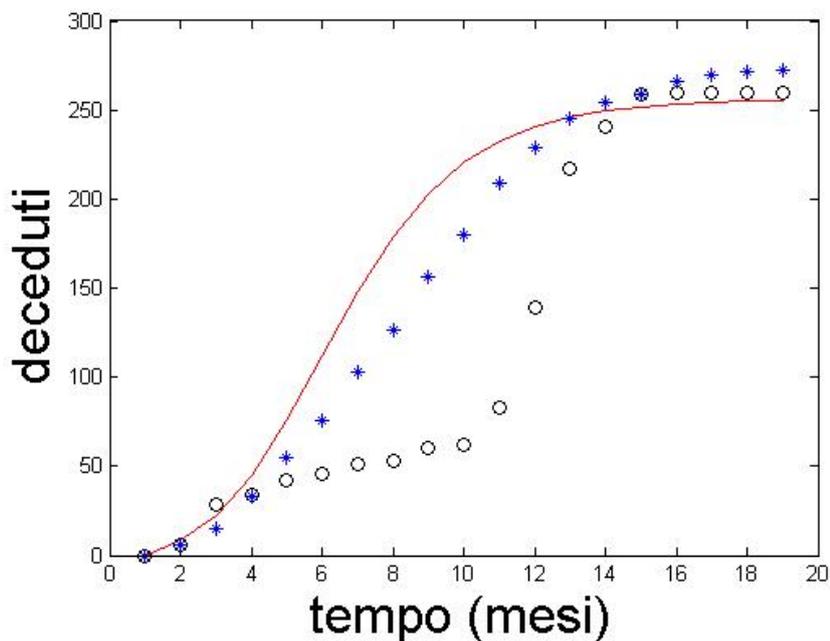


Figura 3.34: Simulazione del modello SIR della peste bubbonica confrontata con i dati reali di Eyam; per la simulazione differenziale é stata usata la liena continua rossa, per la simulazione stocastica gli asterichi blu e per i dati reali cerchi neri. $I_0 = 7$.

	A	B	C
1	Mese	%A	%B
2	Ottobre 1665	13.39%	1.52%
3	Novembre 1665	16.53%	82.13%
4	Dicembre 1665	14.49%	91.77%
5	Gennaio 1666	13.56%	84.76%
6	Febbraio 1666	3.07%	73.59%
7	Marzo 1666	33.48%	60.64%
8	Aprile 1666	50.89%	47.26%
9	Maggio 1666	80.94%	36.73%
10	Giugno 1666	77.01%	28.21%
11	Luglio 1666	30.67%	22.39%
12	Agosto 1666	2.92%	18.20%
13	Settembre 1666	16.91%	11.14%
14	Ottobre 1666	35.30%	22.69%
15	Novembre 1666	33.13%	20.41%

Figura 3.35: Tabella riassuntiva delle percentuali di simulazioni stocastiche che risultano piú vicine ai dati reali rispetto alla simulazione differenziale. Nella colonna contrassegnata con %A sono riportate le percentuali per $I_0 = 1$, mentre nella colonna contrassegnata per $I_0 = 7$.

Cercando di minimizzare lo scarto quadratico dai dati reali si trova che i parametri ottimali per il modello deterministico sono $a = 0.0029$ e $b = 0.39$, il che ci fa pensare che la peste che si diffuse ad Eyam non fosse un ceppo particolarmente contagioso né particolarmente letale rispetto gli standard della malattia in esame.

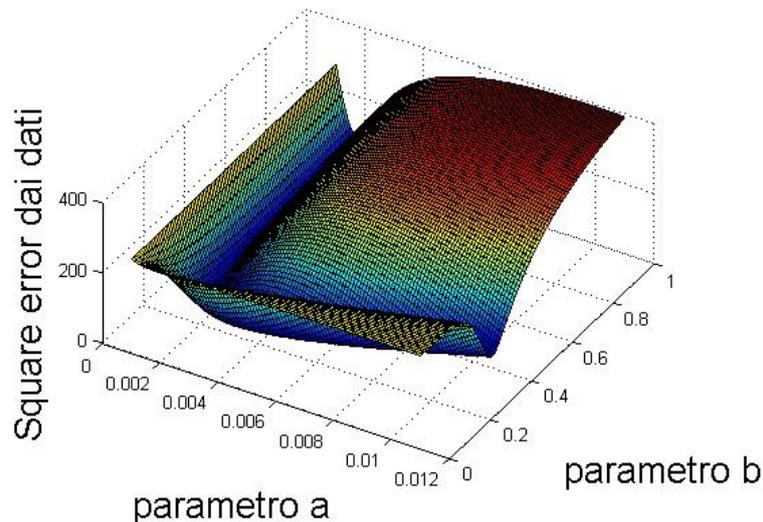


Figura 3.36: SIR-Eyam. Scarto quadratico della simulazione differenziale rispetto i dati osservati al variare dei parametri.

Svolgendo 1000 simulazioni stocastiche, invece, troviamo che i parametri ottimali sono $a = 0.0064$ e $b = 0.1$ che descrivono una peste molto piú contagiosa ma ulteriormente meno letale di quanto precedentemente supposto.

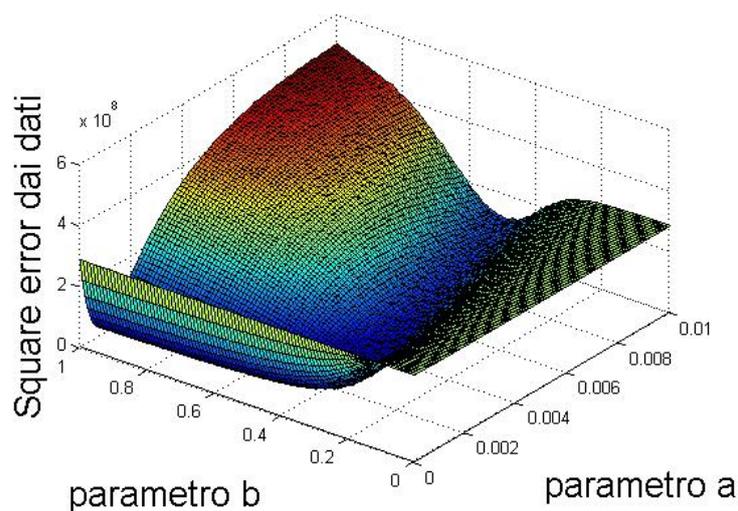


Figura 3.37: SIR-Eyam. Scarto quadratico delle 1000 simulazioni stocastiche rispetto i dati osservati al variare dei parametri.

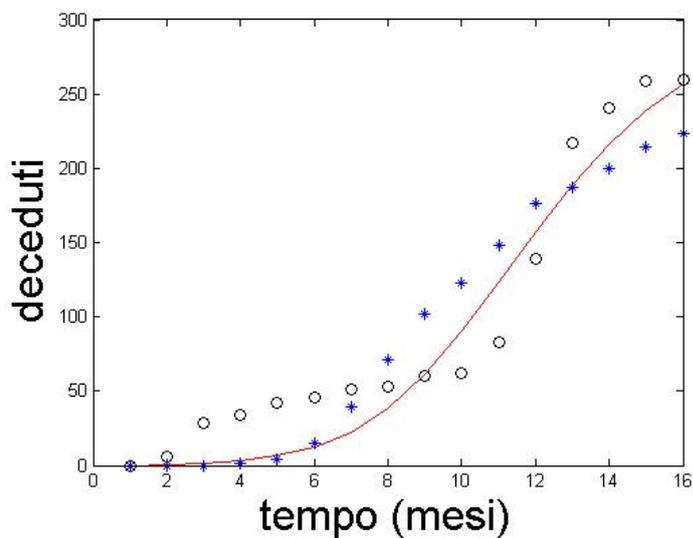


Figura 3.38: SIR-Eyam. Simulazione numerica con parametri ottimali: per la simulazione differenziale (linea rossa) $a = 0.0029$ e $b = 0.39$, per la simulazione stocastica (asterischi blu) $a = 0.0064$ e $b = 0.1$.

Catene di Markov a tempo continuo

Modelli piú complessi e con popolazioni totali variabili non si prestano per una trasposizione da differenziale a DTMC, per questo motivo introduciamo i seguenti concetti relativi alle catene di Markov in tempo continuo che ci serviranno per costruire modelli stocastici di fenomeni piú articolati.

Definizione 29. CTMC

Una catena di Markov continua (CTMC- Continue Time Markov Chain) é un processo stocastico con le seguenti proprietà:

- $T = \mathbb{R}$ oppure T é un sottointervallo di \mathbb{R}
- Tutte le variabili aleatorie X_t assumono i loro valori in un insieme finito $E = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ detto spazio degli stati che é lo stesso per tutte le X_t , gli x_k sono detti stati
- $p_{i,j}(t) = P(X_{t+s} = x_j | X_s = x_i) = P(X_{t+s} = x_j | X_s = x_i \wedge \dots \wedge X_0 = x_{i_0})$ ossia lo stato al tempo $t + W$ puó dipendere dallo stato precedente, ma non dipende dagli stati assunti in tempi precedenti. (proprietá di Markov)

Ossia $p_{i,j}(t)$ é la probabilitá, partendo dallo stato i , di trovarmi allo stato j al tempo t .

Definizione 30. Catene Omogenee Continue

Una catena di Markov é detta omogenea nel continuo se non dipende dal tempo t , ossia se $p_{i,j}(t) = P(X_{t+s} = x_j | X_s = x_i) = P(X_t = x_j | X_0 = x_i)$, $\forall t \in T$.

Osservazione. L'unica profonda distinzione é che nelle DTMC il salto da uno stato ad un altro avviene per valori finiti di n mentre nelle CTMC puó avvenire in un qualunque $t > 0$.

Definizione 31. Matrice Q dei generatori infinitesimali

Assumiamo ragionevolmente che $p_{i,i}(0) = 1$ e che $p_{i,j}(0) = 0$, $\forall i, j$ con $i \neq j$. Definiamo:

$$q_{i,i} = \lim_{t \rightarrow 0^+} \frac{p_{i,i}(t) - p_{i,i}(0)}{t} = \lim_{t \rightarrow 0^+} \frac{p_{i,i}(t) - 1}{t} \quad (4.58)$$

e

$$q_{i,j} = \lim_{t \rightarrow 0^+} \frac{p_{i,j}(t) - p_{i,j}(0)}{t} = \lim_{t \rightarrow 0^+} \frac{p_{i,j}(t)}{t} \quad (4.59)$$

Poiché $\sum_{j=0}^{+\infty} p_{i,j}(t) = 1$, segue che:

$$1 - p_{i,i}(t) = \sum_{j \neq i} p_{i,j}(t) = \sum_{j \neq i} (q_{i,j}t + o(t)) \quad (4.60)$$

da cui:

$$q_{i,i} = \lim_{t \rightarrow 0^+} \frac{-\sum_{j \neq i} (q_{i,j}t + o(t))}{t} = -\sum_{j \neq i} q_{i,j} \quad (4.61)$$

La matrice Q i cui elementi sono definiti da 4.61 e 4.59 é detta matrice dei generatori infinitesimali, d'ora in poi, per comoditá, denotata semplicemente con Q .

$$Q = \begin{bmatrix} -\sum_{j \neq 1} q_{1,j} & q_{1,2} & q_{1,3} & \cdots \\ q_{2,1} & -\sum_{j \neq 2} q_{2,j} & q_{2,3} & \cdots \\ q_{3,1} & q_{3,2} & -\sum_{j \neq 3} q_{3,j} & \cdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{bmatrix}$$

Definizione 32. Embedded Markov Chain - EMC

Il set di variabili aleatorie Y_n é detto embedded Markov Chain (EMC) associato alla CTMC $X(t)$. Le Y_n sono definite da $Y_n = X(W_n)$, dove W_i é l' i -esimo tempo in cui avviene un cambio di stato. L'EMC risulta quindi essere una CTMC e sará essenziale per categorizzare gli stati (transitorio, ricorrente, ecc...).

Definizione 33. Matrice di Transizione dell'EMC

Per categorizzare gli stati della nostra CTMC dovremo studiare la matrice di transizione relativa all'EMC che, per brevità, chiameremo $T = (t_{i,j})$, dove $t_{i,j} = P(Y_{n+1} = i | Y_n = j)$. In generale, T viene definita operativamente utilizzando Q . Per prima cosa si noti che $t_{i,i} = 0$ per come é definita Y_n , a meno che lo stato i non sia assorbente, in tal caso poniamo $t_{i,i} = 1$.

Ricapitolando:

$$\begin{aligned} t_{i,i} &= 1, \text{ se } q_{i,i} = 0 \\ t_{i,i} &= 0, \text{ se } q_{i,i} \neq 0 \end{aligned} \quad (4.62)$$

In secondo luogo, utilizzando i risultati ottenuti precedentemente per Q , possiamo scrivere:

$$-\frac{q_{i,j}}{q_{i,i}} = \lim_{t \rightarrow 0^+} \frac{p_{i,j}(t)}{1 - p_{i,i}(t)} \quad (4.63)$$

Al secondo membro dell'uguaglianza 4.63 abbiamo la probabilità di passare dallo stato i allo stato j sapendo che non rimaniamo sullo stato i .

Possiamo quindi scrivere la matrice di transizione per l'EMC usando 4.62 e 4.63. Nel caso in cui $q_{i,i} \neq 0$, T risulterà essere:

$$T = \begin{bmatrix} 0 & -\frac{q_{2,1}}{q_{2,2}} & -\frac{q_{3,1}}{q_{3,3}} & \dots \\ -\frac{q_{1,2}}{q_{1,1}} & 0 & -\frac{q_{3,2}}{q_{3,3}} & \dots \\ -\frac{q_{1,3}}{q_{1,1}} & -\frac{q_{2,3}}{q_{2,2}} & 0 & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{bmatrix}$$

Qualora un $q_{i,i} = 0$ avremmo $t_{i,i} = 1$ ed i restanti elementi sulla riga i -esima tutti nulli, poiché T è stocastica.

Osservazione. Utilizzando T , la classificazione degli stati e delle classi per una CTMC resta la stessa che per le DTMC.

4.1 Equazioni di Kolmogorov

$p_{i,j}$ può essere scritta, applicando la cosiddetta “Chapman-Kolmogorov equation”, come:

$$p_{i,j}(t + \Delta t) = \sum_{k=0}^{\infty} p_{i,k}(\Delta t) p_{k,j}(t) \quad (4.64)$$

che possiamo riscrivere in termini di Q come:

$$p_{i,j}(t + \Delta t) = \sum_{k=0}^{\infty} p_{k,j}(t) [\delta_{i,k} + q_{i,k} \Delta t + o(\Delta t)] \quad (4.65)$$

Sottraendo ad ambo i membri $p_{i,j}$ e dividendo per Δt otteniamo:

$$\frac{p_{i,j}(t + \Delta t) - p_{i,j}(t)}{\Delta t} = \sum_{k=0}^{\infty} p_{k,j}(t) q_{i,k} + \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} \quad (4.66)$$

Per $\Delta t \rightarrow 0$ risulta:

$$\frac{dp_{i,j}(t)}{dt} = \sum_{k=0}^{\infty} q_{i,k} p_{k,j}(t) \quad (4.67)$$

Scritto in forma matriciale:

$$\frac{dP(t)}{dt} = QP(t) \quad (4.68)$$

L'equazione 4.68 è nota come “Forward Kolmogorov Differential Equation”. Scrivendo la “Chapman-Kolmogorov equation” come:

$$p_{i,j}(t + \Delta t) = \sum_{k=0}^{\infty} p_{i,k}(t) p_{k,j}(\Delta t) \quad (4.69)$$

e svolgendo calcoli analoghi a quelli sopra, giungiamo all'equazione:

$$\frac{dP(t)}{dt} = P(t)Q \quad (4.70)$$

detta "Backward Kolmogorov Differential Equation".

Definizione 34. distribuzione stazionaria per CTMC

Sia π un vettore a termini non negativi che soddisfa $Q\pi = 0$ e $\sum_{i=0}^{\infty} \pi_i = 1$, allora π é detta distribuzione stazionaria per la CTMC.

Osservazione. π può essere definito anche in termini di P , richiedendo che soddisfi $P(t)\pi = \pi$ e $\sum_{i=0}^{\infty} \pi_i = 1$.

Osservazione. Le equazioni di Kolmogorov possono essere utilizzate per verificare una distribuzione stazionaria:

$$\frac{dP(t)}{dt}\pi = P(t)Q\pi = 0 \quad (4.71)$$

$$\frac{dP(t)}{dt}\pi = QP(t)\pi = Q\pi = 0 \quad (4.72)$$

4.2 Tempo d'Intervento

Definita, come in precedenza, W_i il tempo dell' i -esimo salto, ossia dell' i -esimo cambio di stato, e definito $T_i = W_{i+1} - W_i$, chiamiamo T_i tempo d'intervento e mostreremo che é una variabile aleatoria continua distribuita in modo esponenziale.

Si assuma che lo stato del processo all' i -esimo salto sia n , $X(W_i) = n$. Sia $\alpha(n)\Delta t + o(\Delta t)$ la probabilità che il processo si sposti in uno stato differente da n nel tempo Δt , ossia:

$$\sum_{j \neq n} p_{n,j}(\Delta t) = \alpha(n)\Delta t + o(\Delta t) \quad (4.73)$$

quindi la probabilità che non ci sia cambio di stato nel tempo Δt risulta essere:

$$p_{n,n}(\Delta t) = 1 - \alpha(n)\Delta t + o(\Delta t). \quad (4.74)$$

Sia $G_i(t)$ la probabilità che il processo rimanga nello stato n per un tempo di lunghezza t , cioè per un tempo $[W_i, W_i + t]$.

$G_i(t)$ può essere espressa in termini di tempi d'intervento T_i :

$$G_i(t) = P(t + W_i < W_{i+1}) = P(T_i > t) \quad (4.75)$$

Per Δt sufficientemente piccolo possiamo scrivere:

$$G_i(t + \Delta t) = G_i(t)p_{n,n}(\Delta t) = G_i(t)(1 - \alpha(n)\Delta t + o(\Delta t)). \quad (4.76)$$

Sottraiamo $G_i(t)$ da ambo i membri e dividiamo per Δt ; passando al limite per $\Delta t \rightarrow 0$ otteniamo:

$$\frac{dG_i(t)}{dt} = -\alpha(n)G_i(t). \quad (4.77)$$

Questa equazione differenziale del primo ordine, con la ragionevole condizione iniziale $G_i(0) = 1$, ha soluzione:

$$G_i(t) = e^{-\alpha(n)t}. \quad (4.78)$$

La probabilità che $T_i < t$ è quindi:

$$P(T_i < t) = 1 - P(T_i > t) = 1 - G_i(t) = 1 - e^{-\alpha(n)t} = F_i(t). \quad (4.79)$$

$F_i(t)$ risulta quindi essere la funzione di ripartizione di una variabile aleatoria esponenziale.

Teorema 4.10. *Sia U una variabile aleatoria uniforme definita su $[0, 1]$ e T una variabile aleatoria continua definita su $[0, +\infty)$. Allora $T = F^{-1}(U)$, dove F è la funzione di ripartizione di T .*

Dimostrazione. Sappiamo che $P(T < t) = F(t)$, vogliamo quindi mostrare che $P(F^{-1}(U) < t) = F(t)$.

Innanzitutto si noti che $F : [0, +\infty) \rightarrow [0, 1]$ è strettamente crescente e quindi F^{-1} esiste. Poi, per $t \in [0, +\infty)$, abbiamo che:

$$P(F^{-1}(U) < t) = P(F(F^{-1}(U)) < F(t)) = P(U < F(t)). \quad (4.80)$$

Poiché U è una variabile aleatoria uniforme, $P(U < y) = y$ se $y \in [0, 1]$. Dunque, $P(U < F(t)) = F(t)$. \square

Osservazione. Il risultato ottenuto con il precedente teorema sarà fondamentale quando dovremo implementare un programma che simuli una CTMC. Infatti possiamo esprimere il tempo di intervento $T = \frac{\log(U)}{\alpha(n)}$, dove U è una variabile aleatoria uniforme tra 0 e 1, simulata da MatLab con la funzione di sistema *rand*. Possiamo quindi scrivere $W_{i+1} = W_i - T = W_i - \frac{\log(U)}{\alpha(n)}$.

4.3 Processi multivariati

I modelli, come preda-predatore, dove piú di una popolazione é oggetto di studio, vengono formulati con l'utilizzo di tante variabili aleatorie quante le popolazioni in esame. I modelli esaminati nei prossimi capitoli studiano due popolazioni, quindi, per semplicitá, ci limiteremo a studiare processi bivariati.

Per $t \geq 0$, $(X(t), Y(t))$ denoterá una CTMC bivariata, con $X(t)$ e $Y(t) \in \{0, 1, 2, \dots\}$; inoltre denoteremo con $P_{(i,j)}(t) = P(X(t) = i \wedge Y(t) = j)$.

La probabilitá di transizione per un processo bivariato sará quindi indicata con $P_{(a,b)(i,j)}(\Delta t) = P(X(t + \Delta t) = i \wedge Y(t + \Delta t) = j | X(t) = a \wedge Y(t) = b)$.

Tutti i processi che prenderemo in esame sono assunti essere omogenei, cioé le probabilitá di transizione non dipenderanno dal tempo in cui avvengono.

Dato S in sottoinsieme finito di $\mathbb{Z} \times \mathbb{Z}$ scriveremo $P(X(t + \Delta t) - X(t) = i \wedge Y(t + \Delta t) - Y(t) = j | (X(t), Y(t))) =$

$$\begin{cases} \alpha_{i,j}(X(t), Y(t))\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) \in S \\ 1 - \sum_{(v,w) \in S} \alpha_{v,w}(X(t), Y(t))\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) \notin S \end{cases} \quad (4.81)$$

Per $(X(t), Y(t)) = (a, b)$ la precedente probabilitá di transizione si puó scrivere come $P_{(a,b)(m,n)}(\Delta t)$, dove $m = a + i$ e $n = b + j$.

Utilizzando 4.81 si puó scrivere $P_{(m,n)}(t + \Delta t)$ come:

$$\sum_{(i,j) \in S} P_{(m-i,n-j)}(t) \alpha_{i,j}(m-i, n-j) \Delta t + P_{(m,n)}(t) \left(1 - \sum_{(i,j) \in S} \alpha_{i,j}(m, n) \Delta t \right) + o(\Delta t). \quad (4.82)$$

Sottraendo $P_{(m,n)}(t)$ ad ambo i membri e dividendoli per Δt otteniamo:

$$\frac{dP_{(m,n)}(t)}{dt} = \sum_{(i,j) \in S} P_{(m-i,n-j)}(t) \alpha_{i,j}(m-i, n-j) - P_{(m,n)}(t) \sum_{(i,j) \in S} \alpha_{i,j}(m, n) \quad (4.83)$$

che é l'equazione differenziale di Kolmogorov in avanti per un processo bivariato (Forward Kolmogorov Differential Equation for a bivariate process).

Modelli a tempo continuo

5.1 Il modello SIS-CTMC

Si riprende il modello SIS a popolazione costante precedentemente trattato provando, però, a modelizzarlo con una CTMC.

Innanzitutto lo si scrive in modo da evidenziare la dipendenza da una sola popolazione, ad esempio gli infetti:

$$\begin{cases} \frac{d(N-I)}{dt} = -\frac{dI}{dt} = -\dot{I} = -\frac{\alpha(N-I)I}{N} + \beta I \\ \frac{dI}{dt} = \dot{I} = \frac{\alpha(N-I)I}{N} - \beta I \end{cases} \quad (5.84)$$

Sia, quindi, $I(t)$ una variabile aleatoria che denota il numero di infetti al tempo t , gli stati che la CTMC può assumere saranno quindi $\{0, 1, 2, \dots, N\}$. Scriviamo la probabilità di transizione $P(I(t + \Delta t) - I(t) = j | I(t) = i) =$

$$\begin{cases} \frac{\alpha(N-i)i}{N} \Delta t + o(\Delta t), & j = 1 \\ \beta i \Delta t + o(\Delta t), & j = -1 \\ 1 - [\text{le precedenti probabilità}], & j = 0 \\ o(\Delta t), & \text{altrimenti} \end{cases} \quad (5.85)$$

Dall'equazione di Kolmogorov in avanti, $\frac{dp}{dt} = Qp$, si ricava la matrice Q :

$$Q = \begin{bmatrix} 0 & \beta & 0 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{\alpha(N-1)}{N} - \beta & \beta 2 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\alpha(N-1)}{N} & -\frac{\alpha(N-2)2}{N} - \beta 2 & \dots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\alpha(N-2)2}{N} & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \dots & \beta(N-1) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \dots & -\frac{\alpha(N-1)}{N} - \beta(N-1) & \beta N \\ 0 & 0 & 0 & \dots & \frac{\alpha(N-1)}{N} & -\beta N \end{bmatrix}$$

che risulta essere un processo di nascita-e-morte. Si ricava da Q la matrice di transizione T :

$$T = \begin{bmatrix} 1 & \frac{\beta}{\frac{\alpha(N-1)}{N} + \beta} & 0 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\beta 2}{\frac{\alpha(N-2)2}{N} + \beta 2} & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\alpha(N-1)}{\frac{\alpha(N-1)}{N} + \beta} & 0 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\alpha(N-2)2}{\frac{\alpha(N-2)2}{N} + \beta 2} & \cdots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \cdots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & \frac{\beta(N-1)}{\frac{\alpha(N-1)}{N} + \beta(N-1)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & \frac{\alpha(N-1)}{\frac{\alpha(N-1)}{N} + \beta(N-1)} & 0 \end{bmatrix}$$

da cui si nota che lo stato $I = 0$ é assorbente mentre tutti gli altri transitori.

5.2 Il modello SIR-CTMC

Si riprende il modello SIR a popolazione costante precedentemente trattato provando, però, a modelizzarlo con una CTMC.

Siano $S(t)$, $I(t)$ ed $R(t)$ variabili aleatorie la cui somma é pari a N per ogni t , possiamo scrivere la probabilità di transizione

$$P(S(t + \Delta t) = i \wedge I(t + \Delta t) = j) =$$

$$\begin{cases} \frac{\alpha S(t)I(t)}{N} \Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (-1, +1) \\ \beta I(t) \Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (0, -1) \\ 1 - [\text{le precedenti probabilità}], & (i, j) = (0, 0) \\ o(\Delta t), & \text{altrimenti} \end{cases} \quad (5.86)$$

Denotata con $P_{(i,j)}(t) = P(S(t) = i \wedge I(t) = j)$; dalla probabilità di transizione si può scrivere l'equazione di Kolmogorov in avanti:

$$\begin{aligned} \frac{dp_{(i,j)}(t)}{dt} &= \\ &= \frac{\alpha}{N} (i+1)(j-1)p_{(i+1,j-1)}(t) + \beta(j+1)p_{(i,j-1)}(t) - \left(\frac{\alpha}{N} ij + \beta j \right) p_{(i,j)}(t). \end{aligned} \quad (5.87)$$

5.3 Il modello Lotka-Volterra

Le equazioni di Lotka-Volterra, note come equazioni preda-predatore, sono un sistema di equazioni differenziali non lineari del primo ordine. Questa modellizzazione matematica è stata proposta indipendentemente da Alfred J. Lotka nel 1925 e Vito Volterra nel 1926.

L'idea generale del modello di Lotka-Volterra è quella di considerare uno scenario ideale in cui coesistono due specie: i predatori y e le loro prede x . Assumendo che i predatori possano nutrirsi soltanto della popolazione x , e che non vi siano altre prede, la quantità totale di cibo consumata dai predatori (cioè la quantità di prede mangiate) per unità di tempo è proporzionale al numero di incontri tra prede e predatori che sarà proporzionale ad entrambe le popolazioni, quindi al loro prodotto $x(t)y(t)$. Vi è inoltre una quantità minima di cibo per unità di tempo necessaria ad un singolo predatore per sopravvivere abbastanza a lungo da riprodursi; si può quindi assumere che il tasso di crescita della popolazione dei predatori sia proporzionale, oltre che alla popolazione già presente y , anche allo scarto tra il cibo disponibile $x(t)$ e il cibo necessario alla sussistenza m , ovvero:

$$\frac{dy}{dt} = C(x(t) - m)y(t) = y(t)(a_{21}x(t) - a_{20}) \quad (5.88)$$

Considerando il tasso di crescita $x'(t)$ della popolazione di prede, si assume che le prede dispongano di una fonte inesauribile di cibo sufficiente a far aumentare la loro popolazione in assenza di predatori. D'altra parte, si è detto che alcune di loro vengono uccise dai predatori, ed è stato assunto che il numero di prede uccise per unità di tempo è proporzionale a $x(t)y(t)$. Da questo si deduce che il tasso di crescita delle prede deve essere:

$$\frac{dx}{dt} = a_{10}x(t) - a_{12}x(t)y(t) = x(t)(a_{10} - a_{12}y(t)) \quad (5.89)$$

In definitiva il modello é descritto dal seguente sistema di due ODE:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \dot{x} = x(t)(a_{10} - a_{12}y(t)) \\ \frac{dy}{dt} = \dot{y} = y(t)(a_{21}x(t) - a_{20}) \end{cases} \quad (5.90)$$

Legenda dei parametri del sistema (assunti tutti positivi):

$x(t)$: numero di prede al tempo t .

$y(t)$: numero di predatori al tempo t .

a_{10} : tasso di riproduzione delle prede.

a_{12} : tasso di mortalitá relativo agli incontri binari preda-predatore.

a_{21} : tasso di riproduzione relativo agli incontri binari preda-predatore.

a_{20} : tasso di mortalitá naturale dei predatori.

Osservazione. Sebbene chiamati tradizionalmente tassi in realtá i parametri possono assumere anche valori maggiori di 1.

5.3.1 Analisi del modello Lotka-Volterra differenziale

Gli equilibri del sistema sono:

$$E_0 = (0, 0) \quad (5.91)$$

$$E_1 = \left(\frac{a_{20}}{a_{21}}, \frac{a_{10}}{a_{12}} \right) \quad (5.92)$$

Studiando il segno del campo vettoriale troviamo che $x'(t) > 0$ se $y < \frac{a_{10}}{a_{12}}$ mentre $y'(t) > 0$ se $x > \frac{a_{20}}{a_{21}}$, individuiamo cosí anche le due isocline:

$$x = \frac{a_{20}}{a_{21}} \quad (5.93)$$

e

$$y = \frac{a_{10}}{a_{12}}. \quad (5.94)$$

Studiamo ora la stabilitá degli equilibri, calcoliamo la matrice Jacobiana del sistema:

$$Jac = \begin{bmatrix} a_{10} - a_{12}y & -a_{12}x \\ a_{21}y & a_{21}x - a_{20} \end{bmatrix}$$

Calcoliamo ora gli autovalori della matrice Jacobiana valutata nei punti di equilibrio:

$$Jac(E_0) = \begin{bmatrix} a_{10} & 0 \\ 0 & -a_{20} \end{bmatrix}$$

che ha come autovalori $\lambda_1 = a_{10}$ e $\lambda_2 = -a_{20}$.

$$Jac(E_1) = \begin{bmatrix} 0 & -a_{12} \frac{a_{20}}{a_{21}} \\ a_{21} \frac{a_{10}}{a_{12}} & 0 \end{bmatrix}$$

che ha come autovalori $\lambda_1 = i\sqrt{a_{10}a_{20}}$ e $\lambda_2 = -i\sqrt{a_{10}a_{20}}$.

Dal criterio 1.8 si conclude che E_0 é un equilibrio instabile mentre E_1 é un equilibrio neutralmente stabile.

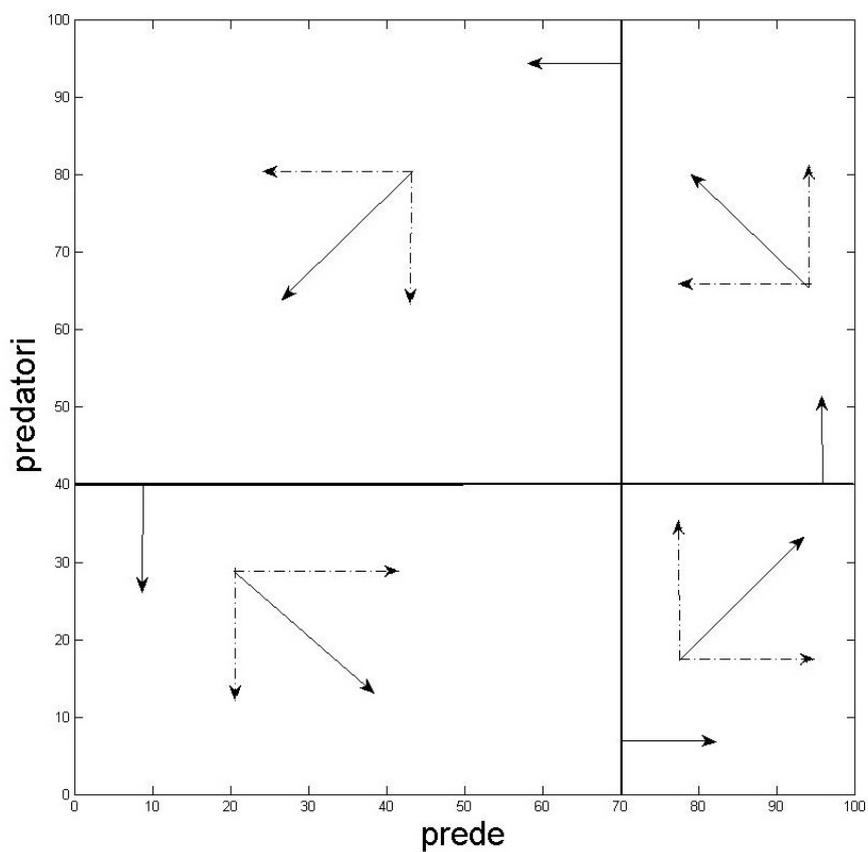


Figura 5.39: Equilibri, isocline e campo vettoriale del modello L-V. In nero le isocline; $a_{10} = 0.8$, $a_{12} = 0.02$, $a_{21} = 0.01$, $a_{20} = 0.7$.

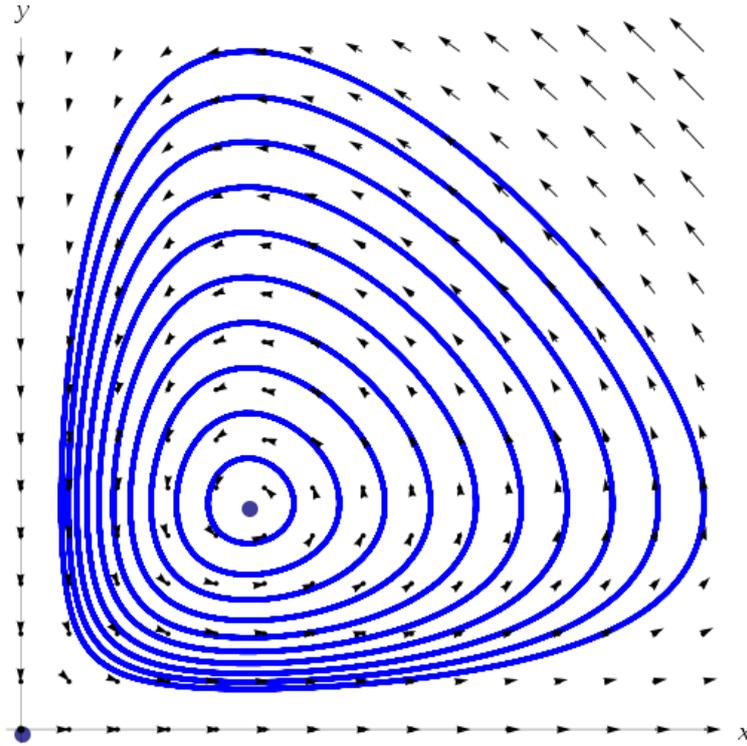


Figura 5.40: Spazio delle fasi. Esempi di orbite.

5.3.2 Lotka-Volterra stocastico

Osservando le ODE possiamo scrivere, assumendo che $x(t) + y(t) = 1$,
 $P(x(t + \Delta t) - x(t) = i \wedge y(t + \Delta t) - y(t) = j) =$

$$\begin{cases} a_{10}x(t)\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (1, 0) \\ a_{20}y(t)\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (0, -1) \\ a_{12}x(t)y(t)\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (-1, 0) \\ a_{21}x(t)y(t)\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (0, 1) \\ 1 - [\text{le precedenti probabilità}], & (i, j) = (0, 0) \\ o(\Delta t), & \text{altrimenti} \end{cases} \quad (5.95)$$

L'equazione di Kolmogorov in avanti soddisfa:

$$\begin{aligned} \frac{p(i, j)}{dt} = & a_{10}(i - 1)p_{(i-1, j)} + a_{20}(j + 1)p_{(i, j+1)} + a_{12}(i + 1)jp_{(i+1, j)} + a_{21}i(j - 1)p_{(i, j-1)} + \\ & - (a_{10}i + a_{20}j + a_{12}ij + a_{21}ij)p_{(i, j)}. \end{aligned} \quad (5.96)$$

5.3.3 Simulazioni del modello Lotka-Volterra

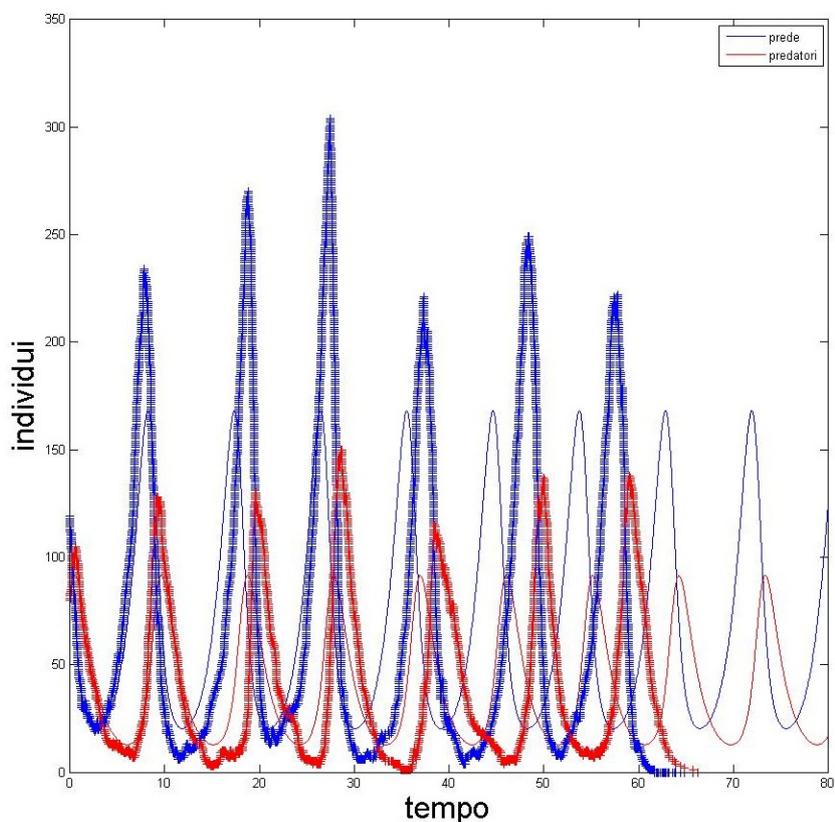


Figura 5.41: L-V. $a_{10} = 0.8$; $a_{12} = 0.02$; $a_{21} = 0.01$; $a_{20} = 0.7$

Si nota immediatamente che nella simulazione stocastica, presentando minimi più piccoli di predatori, la popolazione delle prede che cresce fino a raggiungere picchi massimi di altezza anche doppia rispetto a quelli previsti dalla simulazione differenziale. Tali picchi di prede fanno sì che vi siano anche picchi di predatori più alti. Si nota, inoltre, che dal tempo $t = 30$ le due simulazioni si sfasano così che la simulazione stocastica presenta picchi massimi di prede e predatori in corrispondenza di picchi minimi delle stesse nella simulazione differenziale e viceversa. Infine, nella simulazione numerica stocastica, per t vicino a 65, le prede si estinguono portando quindi ad una rapida e conseguente estinzione dei predatori.

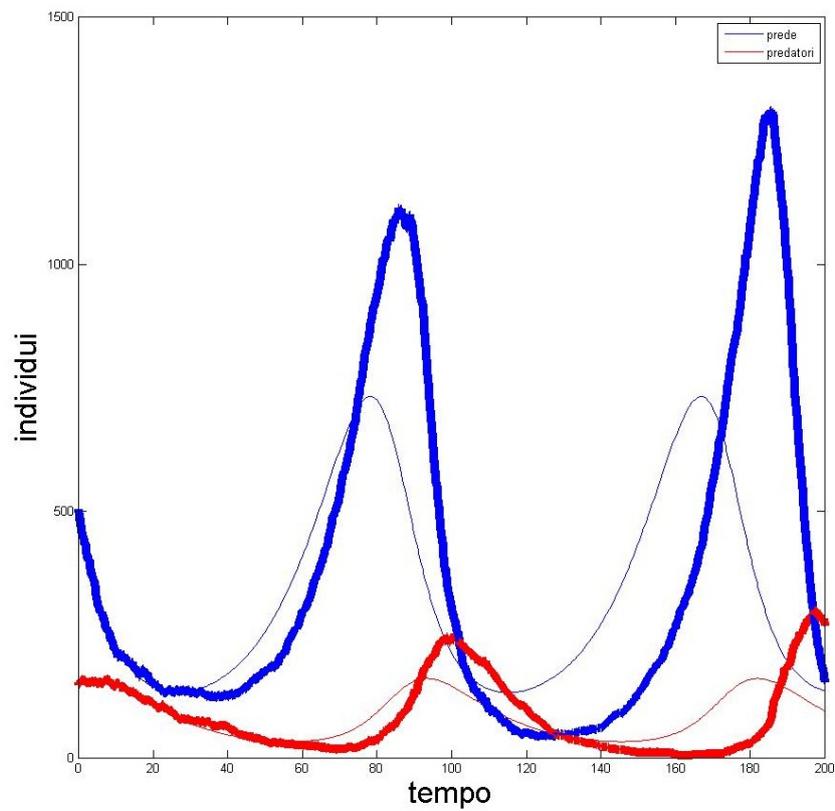


Figura 5.42: L-V. $a_{10} = 0.08$; $a_{12} = 0.001$; $a_{21} = 0.0002$; $a_{20} = 0.07$

Questa particolare simulazione stocastica risulta temporalmente posticipata e con picchi piú alti rispetto alla simulazione differenziale.

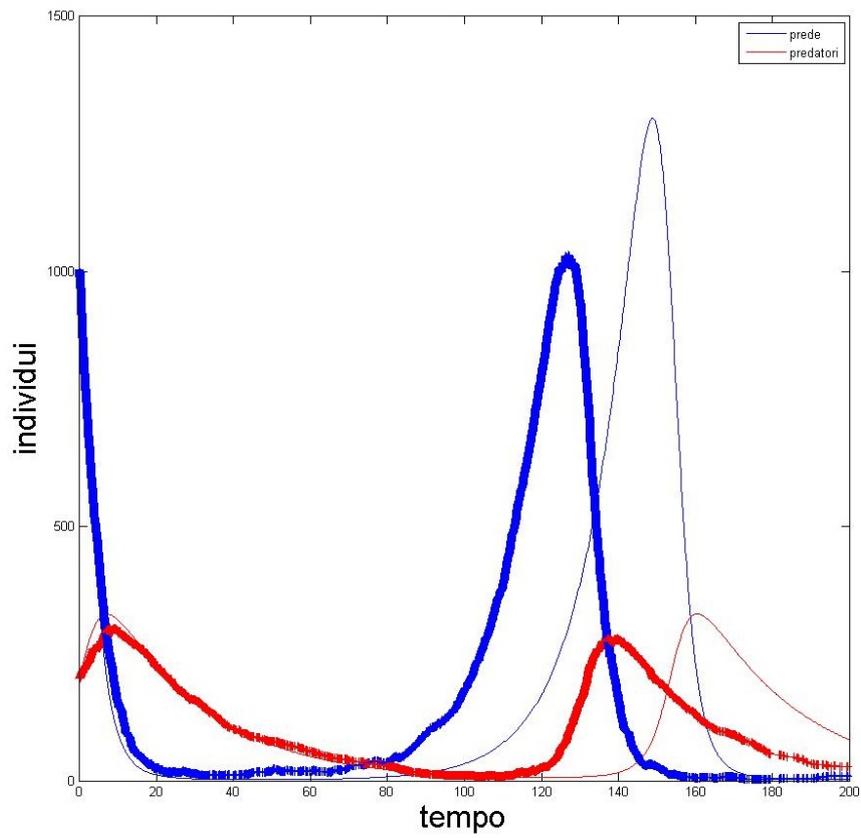


Figura 5.43: L-V. $a_{10} = 0.09$; $a_{12} = 0.0011$; $a_{21} = 0.0002$; $a_{20} = 0.04$

In modo opposto alla simulazione precedente, ora la simulazione stocastica risulta temporalmente anticipata e con picchi piú bassi rispetto alla simulazione differenziale.

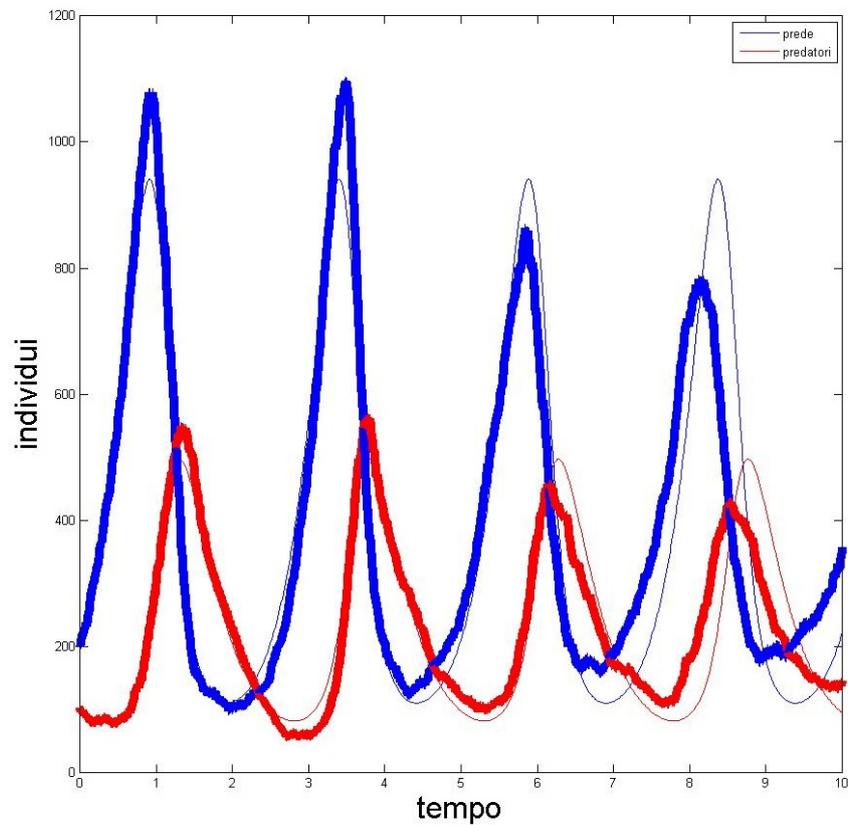


Figura 5.44: L-V. $a_{10} = 3.21$; $a_{12} = 0.014$; $a_{21} = 0.006$; $a_{20} = 2.32$

In questa ultima simulazione vediamo come non ci sia correlazione tra sfasatura ed altezza dei massimi/minimi. Infatti la sfasatura é lieve (fino a $t = 6$ quasi nulla), ma la simulazione stocastica presenta massimi, sia di prede che di predatori, sia piú alti che piú bassi della rispettiva simulazione differenziale. L'unica relazione che si può notare é che in corrispondenza di massimi di prede piú alti si hanno massimi di predatori piú alti (e viceversa), infatti un maggior numero di prede garantisce una maggior fonte di sostentamento per i predatori in accordo con le equazioni che descrivono il modello.

5.4 Il modello Lotka-Volterra con fattore di pesca

Volterra si avvicina al sistema preda-predatore studiando il pescato del mar Adriatico tra il 1915 e il 1918. A causa della guerra le attività di pesca cessarono e lui notò cambiamenti nella numerosità di prede e predatori. Si consideri il modello precedente ma si aggiunga un fattore h detto fattore (o tasso) di pesca che colpisce entrambe le popolazioni in egual misura, le equazioni che ne risultano saranno:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \dot{x} = x(t)(a_{10} - a_{12}y(t) - h) \\ \frac{dy}{dt} = \dot{y} = y(t)(a_{21}x(t) - a_{20} - h) \end{cases} \quad (5.97)$$

Legenda dei parametri del sistema (assunti tutti positivi):

$x(t)$: numero di prede al tempo t .

$y(t)$: numero di predatori al tempo t .

a_{10} : tasso di riproduzione delle prede.

a_{12} : tasso di mortalità relativo agli incontri binari preda-predatore.

a_{21} : tasso di riproduzione relativo agli incontri binari preda-predatore.

a_{20} : tasso di mortalità naturale dei predatori.

h : tasso di pesca.

5.4.1 Analisi del modello Lotka-Volterra differenziale con pesca

Gli equilibri del sistema sono:

$$E_0 = (0, 0) \quad (5.98)$$

$$E_1 = \left(\frac{a_{20} + h}{a_{21}}, \frac{a_{10} - h}{a_{12}} \right) \quad (5.99)$$

Studiando il segno del campo vettoriale troviamo che $x'(t) > 0$ se $y < \frac{a_{10}-h}{a_{12}}$ mentre $y'(t) > 0$ se $x > \frac{a_{20}+h}{a_{21}}$, individuiamo così anche le due isocline:

$$x = \frac{a_{20} + h}{a_{21}} \quad (5.100)$$

e

$$y = \frac{a_{10} - h}{a_{12}}. \quad (5.101)$$

Sin da ora possiamo notare che l'equilibrio di coesistenza E_1 , rispetto al modello senza pesca, è spostato a favore delle prede, ossia la pesca colpisce

indiscriminatamente entrambe le popolazioni ma per le prede il beneficio di incontrare meno predatori vale il fatto di essere pescate. Infatti Volterra notò che il numero di pesci predati era (in media) diminuito con la cessazione della pesca mentre il numero di pesci predatori aumentato.

Osservazione. Sebbene questo modello possa apparire molto specifico, mantiene una sua generalità e risulta applicabile in molti settori che presentano dinamiche preda-predatore e un elemento di rimozione che agisce su ambedue le popolazioni. Ad esempio, in una serra infestata dagli afidi si può introdurre un loro predatore naturale (ad esempio la coccinella) per tenere sotto controllo la loro popolazione; facendo ciò, e supponendo di conoscere i parametri di sistema relativi alle due popolazioni, possiamo prevedere se la popolazione di afidi andrà estinguendosi o coesisterà con i predatori presentando massimi e minimi in modo ciclico. Un altro modo per agire sugli afidi è utilizzare un insetticida, ma poiché l'insetticida agisce indiscriminatamente sia su prede che su predatori può essere considerato, a livello matematico, come un fattore di pesca; quindi il nostro modello matematico ci dice che l'introduzione dell'insetticida nel nostro sistema afidi-coccinelle andrebbe solo a vantaggio degli afidi.

Studiamo ora la stabilità degli equilibri, calcoliamo la matrice Jacobiana del sistema:

$$Jac = \begin{bmatrix} a_{10} - a_{12}y - h & -a_{12}x \\ a_{21}y & a_{21}x - a_{20} - h \end{bmatrix}$$

Ricaviamo ora gli autovalori della matrice Jacobiana valutata nei punti di equilibrio:

$$Jac(E_0) = \begin{bmatrix} a_{10} - h & 0 \\ 0 & -a_{20} - h \end{bmatrix}$$

che ha come autovalori $\lambda_1 = a_{10} - h$ e $\lambda_2 = -a_{20} - h$.

$$Jac(E_1) = \begin{bmatrix} 0 & -a_{12} \frac{(a_{20}+h)}{a_{21}} \\ a_{21} \frac{(a_{10}-h)}{a_{12}} & 0 \end{bmatrix}$$

che ha come autovalori $\lambda_{1,2} = \pm \sqrt{a_{20}h - a_{10}h - h^2 - a_{10}a_{20}}$.

Dal criterio 1.8 si conclude che E_0 è un equilibrio instabile se $a_{10} > h$ e asintoticamente stabile se $a_{10} < h$, ossia l'estinzione è un equilibrio stabile se il tasso di pesca è maggiore del tasso di riproduzione delle prede.

Sempre col criterio 1.8 si conclude che E_1 è un equilibrio neutralmente stabile se l'argomento della radice è negativo, instabile altrimenti.

5.5 Il modello “due popolazioni interagenti”

Si vuole descrivere il comportamento di due popolazioni che competono tra loro sullo stesso territorio.

La crescita di ogni popolazione viene descritta con un modello Logistico della forma:

$$\dot{x} = ax(1 - x/k) \quad (5.102)$$

dove a è il tasso di crescita e k è la capacità portante del sistema per la popolazione in studio, ovvero quanto la popolazione può crescere con le risorse che il luogo mette a disposizione. La capacità portante è un numero naturale positivo, quindi, rinominando opportunamente i parametri, la posso scrivere come un tasso ponendo $K = 1/k$. La crescita delle mie due popolazioni quindi sarà descritta da:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \dot{x} = a_1x(1 - K_1x) \\ \frac{dy}{dt} = \dot{y} = a_2y(1 - K_2y) \end{cases} \quad (5.103)$$

Le due popolazioni inoltre competono tra loro eliminando elementi della popolazione rivale, per descrivere ciò aggiungiamo un termine negativo e proporzionale agli incontri binari ad entrambe le popolazioni. Il modello finale, una volta rinominati tutti i tassi, sarà:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \dot{x} = x(a_{10} - a_{11}x - a_{12}y) \\ \frac{dy}{dt} = \dot{y} = y(a_{20} - a_{21}x - a_{22}y) \end{cases} \quad (5.104)$$

Legenda dei parametri del sistema:

$x(t)$: numero di elementi nella popolazione 1 al tempo t .

$y(t)$: numero di elementi nella popolazione 2 al tempo t .

a_{10} : tasso di riproduzione della popolazione 1.

a_{11} : capacità portante del sistema per la popolazione 1.

a_{12} : tasso di mortalità per la popolazione 1 relativo agli incontri binari.

a_{20} : tasso di riproduzione della popolazione 2.

a_{21} : tasso di mortalità per la popolazione 2 relativo agli incontri binari.

a_{22} : capacità portante del sistema per la popolazione 2.

Osservazione. Questo modello, quando i parametri a_{11} , a_{20} , a_{21} e a_{22} valgono rispettivamente 0, $-a_{20}$, $-a_{21}$ e 0, è equivalente al modello Lotka-Volterra, che infatti descrive un particolare caso di popolazioni interagenti: il caso di prede e predatori.

5.5.1 Analisi del modello “due popolazioni interagenti” differenziale

Il modello presenta gli equilibri $E_0 = (0, 0)$, $E_1 = (\frac{a_{10}}{a_{11}}, 0)$, $E_2 = (0, \frac{a_{20}}{a_{22}})$ ⁴ ed un possibile quarto equilibrio dato dall'intersezione delle isocline:

$$\begin{aligned} a_{10} - a_{11}x - a_{12}y &= 0 \\ a_{20} - a_{21}x - a_{22}y &= 0 \end{aligned} \quad (5.105)$$

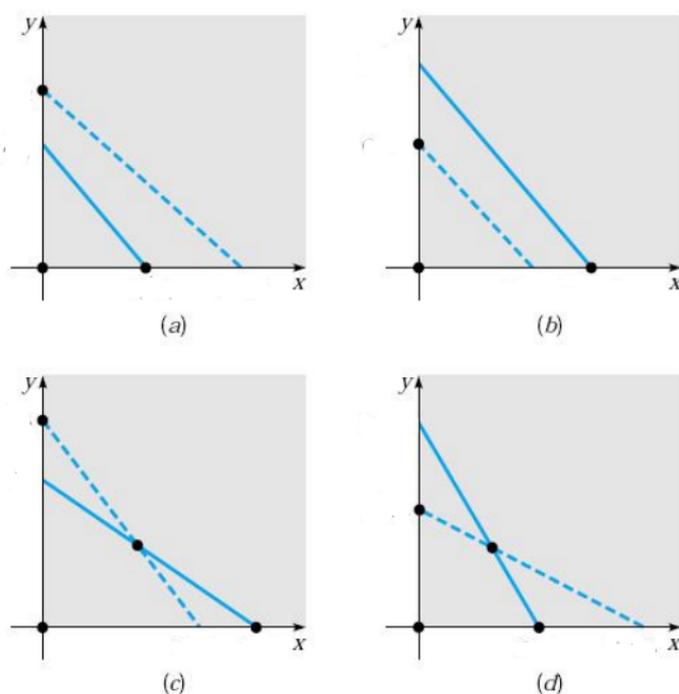


Figura 5.45: Le 4 possibili posizioni delle isocline del modello “due popolazioni interagenti”

Nei casi in cui le rette si intersecano (casi (c) e (d)), mettendo a sistema le isocline, troviamo l'equilibrio

$$E_3 = \left(\frac{a_{10}a_{22} - a_{20}a_{12}}{a_{11}a_{22} - a_{12}a_{21}}, \frac{a_{20}a_{11} - a_{10}a_{21}}{a_{11}a_{22} - a_{12}a_{21}} \right). \quad (5.106)$$

Calcoliamo la stabilità degli equilibri, la matrice Jacobiana del sistema é:

$$Jac = \begin{bmatrix} a_{10} - 2a_{11}x - a_{12}y & -a_{12}x \\ -a_{21}y & a_{20} - a_{21}x - 2a_{22}y \end{bmatrix}$$

⁴ $\frac{a_{10}}{a_{11}}$ e $\frac{a_{20}}{a_{22}}$ sono rispettivamente le capacità portanti del sistema per le popolazioni 1 e 2 prese singolarmente, infatti negli equilibri E_1 ed E_2 una popolazione si estingue mentre l'altra raggiunge la sua capacità portante.

$$Jac(E_0) = \begin{bmatrix} a_{10} & 0 \\ 0 & a_{20} \end{bmatrix}$$

I cui autovalori sono a_{10} e a_{20} e, qualora i parametri siano positivi, l'equilibrio E_0 risulta instabile.

$$Jac(E_1) = \begin{bmatrix} -a_{10} & -\frac{a_{12}a_{10}}{a_{11}} \\ 0 & a_{20} - \frac{a_{21}a_{10}}{a_{11}} \end{bmatrix}$$

I cui autovalori sono $-a_{10}$ e $a_{20} - \frac{a_{21}a_{10}}{a_{11}}$ e quindi E_1 risulta essere un equilibrio asintoticamente stabile se $a_{20} < \frac{a_{21}a_{10}}{a_{11}}$, instabile altrimenti.

$$Jac(E_2) = \begin{bmatrix} a_{10} - \frac{a_{12}a_{20}}{a_{22}} & 0 \\ -\frac{a_{21}a_{20}}{a_{22}} & -a_{20} \end{bmatrix}$$

I cui autovalori sono $-a_{20}$ e $a_{10} - \frac{a_{12}a_{20}}{a_{22}}$ e quindi E_2 risulta essere un equilibrio asintoticamente stabile se $a_{10} < \frac{a_{12}a_{20}}{a_{22}}$, instabile altrimenti.

Utilizzando 5.105 posso scrivere:

$$Jac(E_3) = \begin{bmatrix} -a_{11}x & -a_{12}x \\ -a_{21}y & -a_{22}y \end{bmatrix}$$

I cui autovalori sono dati da:

$$\lambda_{1,2} = \frac{-(a_{11}x + a_{22}y) \pm \sqrt{(a_{11}x + a_{22}y)^2 - 4(a_{11}a_{22} - a_{21}a_{12})xy}}{2}. \quad (5.107)$$

Se $a_{11}a_{22} - a_{21}a_{12} < 0$, allora il radicando dell'equazione sopra descritta sarà positivo e superiore a $(a_{11}x + a_{22}y)^2$, quindi gli autovalori saranno reali e di segno opposto. Conseguentemente, il punto critico E_3 sarà un (instabile) punto di sella e la coesistenza delle due popolazioni non sarà possibile. Dall'altra parte, se $a_{11}a_{22} - a_{21}a_{12} > 0$, allora il radicando dell'equazione è inferiore a $(a_{11}x + a_{22}y)^2$, quindi gli autovalori saranno reali, negativi e non uguali oppure saranno complessi con parte reale negativa; in entrambi i casi, usando il criterio 1.8, il punto critico E_3 sarà un nodo asintoticamente stabile e quindi la convivenza sarà possibile.

5.5.2 “Due popolazioni interagenti” stocastico

Osservando le ODE ed assumendo che $x(t) + y(t) = 1$ possiamo scrivere la probabilità di variazione delle due popolazioni per tempi piccoli,

$$P(x(t + \Delta t) - x(t) = i \wedge y(t + \Delta t) - y(t) = j) =$$

$$\begin{cases} a_{10}x(t)\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (1, 0) \\ (a_{12}x(t)y(t) + a_{11}x^2(t))\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (-1, 0) \\ a_{20}y(t)\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (0, 1) \\ (a_{21}x(t)y(t) + a_{22}y^2(t))\Delta t + o(\Delta t), & (i, j) = (0, -1) \\ 1 - [\text{le precedenti probabilità}], & (i, j) = (0, 0) \\ o(\Delta t), & \text{altrimenti} \end{cases} \quad (5.108)$$

L'equazione di Kolmogorov in avanti soddisfa:

$$\begin{aligned} \frac{p(i, j)}{dt} = & \\ & a_{10}(i - 1)p_{(i-1, j)} + (a_{12}(i + 1)j + a_{11}(i + 1)^2)p_{(i+1, j)} + \\ & + a_{20}(j - 1)p_{(i, j-1)} + (a_{21}i(j + 1) + a_{22}(j + 1)^2)p_{(i, j+1)} \\ & - (a_{10}i + a_{12}ij + a_{11}i^2 + a_{20}j + a_{21}ij + a_{22}j^2)p_{(i, j)}. \end{aligned} \quad (5.109)$$

5.5.3 Simulazioni del modello “due popolazioni interagenti”

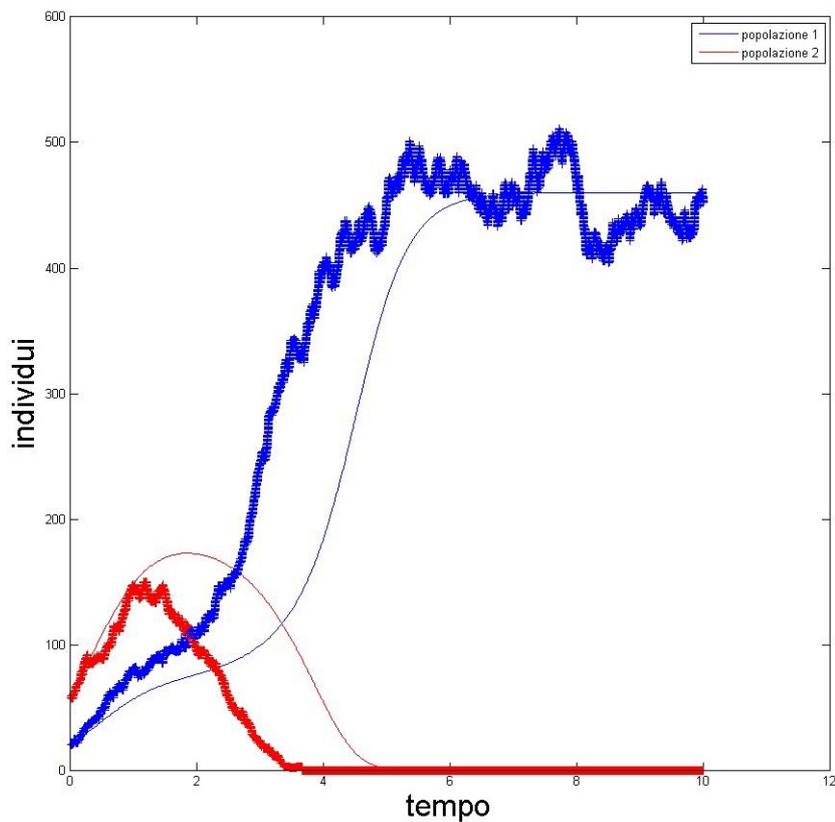


Figura 5.46: Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.3$; $a_{11} = 0.005$; $a_{12} = 0.01$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.02$; $a_{22} = 0.003$.

La simulazione stocastica presenta una sfasatura di circa due unità temporali rispetto alla simulazione differenziale. Tale sfasatura fa sì che la popolazione 2 si estingua prima e che la popolazione 1 raggiunga prima la capacità portante, ma, poiché il modello probabilistico ammette una crescita/decrecita anche in condizioni di raggiungimento della capacità portante, abbiamo che la soluzione stocastica “oscilla” attorno alla soluzione deterministica.

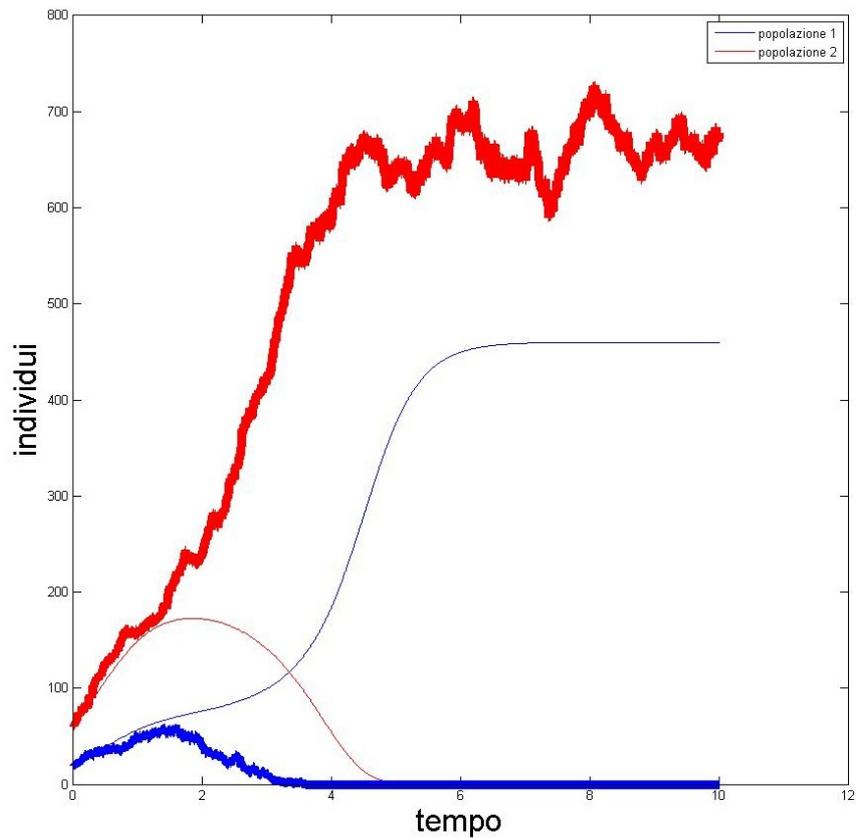


Figura 5.47: Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.3$; $a_{11} = 0.005$; $a_{12} = 0.01$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.02$; $a_{22} = 0.003$.

Poiché gli individui della popolazione 1 al tempo zero erano pochi la probabilità ha fatto sì che quei pochi morissero a causa degli incontri con la popolazione 2 andando così fortemente contro le previsioni del modello differenziale, che prevedeva, contrariamente, che la popolazione 2 si estinguesse e la 1 prosperasse.

Si noti che i parametri di sistema, così come le conseguenti soluzioni differenziali, di questa simulazione sono gli stessi della simulazione precedente, sebbene le due simulazioni stocastiche abbiano prodotto risultati opposti.

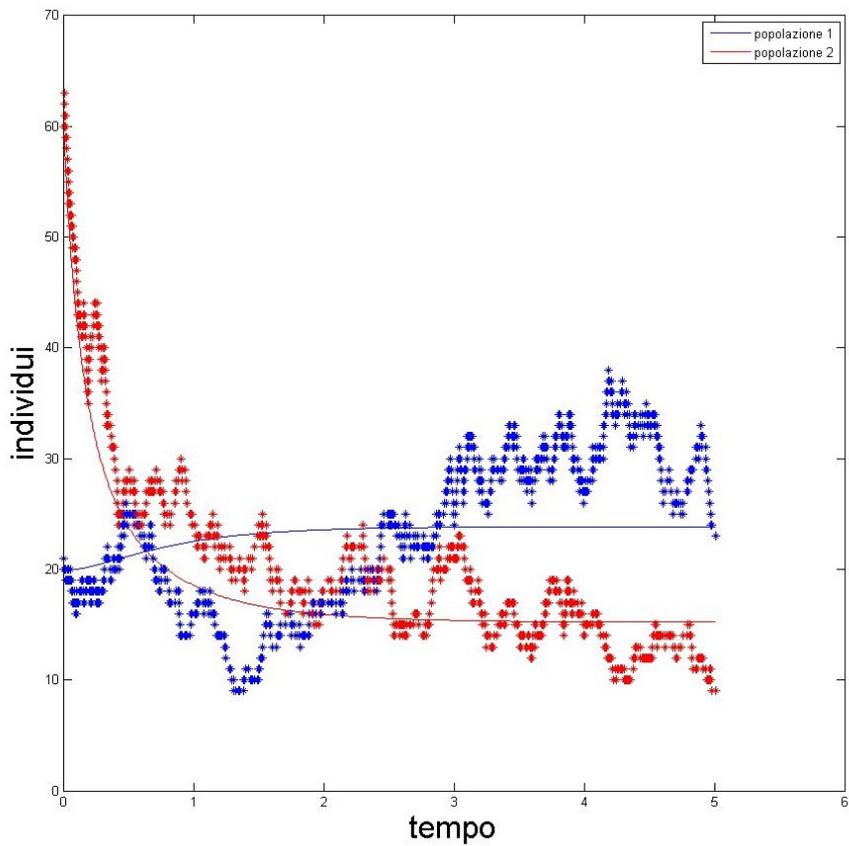


Figura 5.48: Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.3$; $a_{11} = 0.09$; $a_{12} = 0.01$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.02$; $a_{22} = 0.1$.

La simulazione probabilistica risulta distante dalla simulazione differenziale fino a $t = 3$, dopodiché si stabilizza “oscillando” intorno all’equilibrio di coesistenza delle due popolazioni della simulazione differenziale. Non é da escludere però che per tempi maggiori le soluzioni della simulazione stocastica possano nuovamente intersecarsi producendo risultati nuovamente discordi da quelli previsti dall’altro modello.

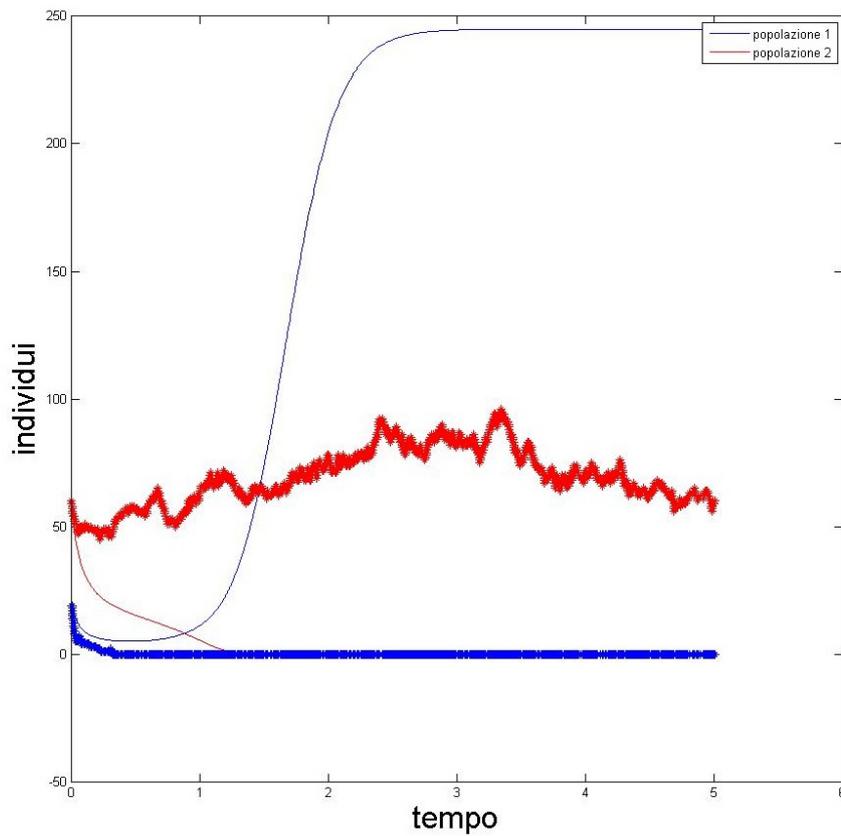


Figura 5.49: Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 4.9$; $a_{11} = 0.02$; $a_{12} = 0.3$; $a_{20} = 2$; $a_{21} = 0.55$; $a_{22} = 0.03$.

Analogamente ad una simulazione precedente, nel modello stocastico la popolazione 1 si estingue mentre la popolazione 2 prospera “oscillando” attorno all’equilibrio (circa 66, 6). Il modello differenziale invece prevedeva una rapida estinzione per la popolazione 2 ed una forte crescita per la popolazione 1.

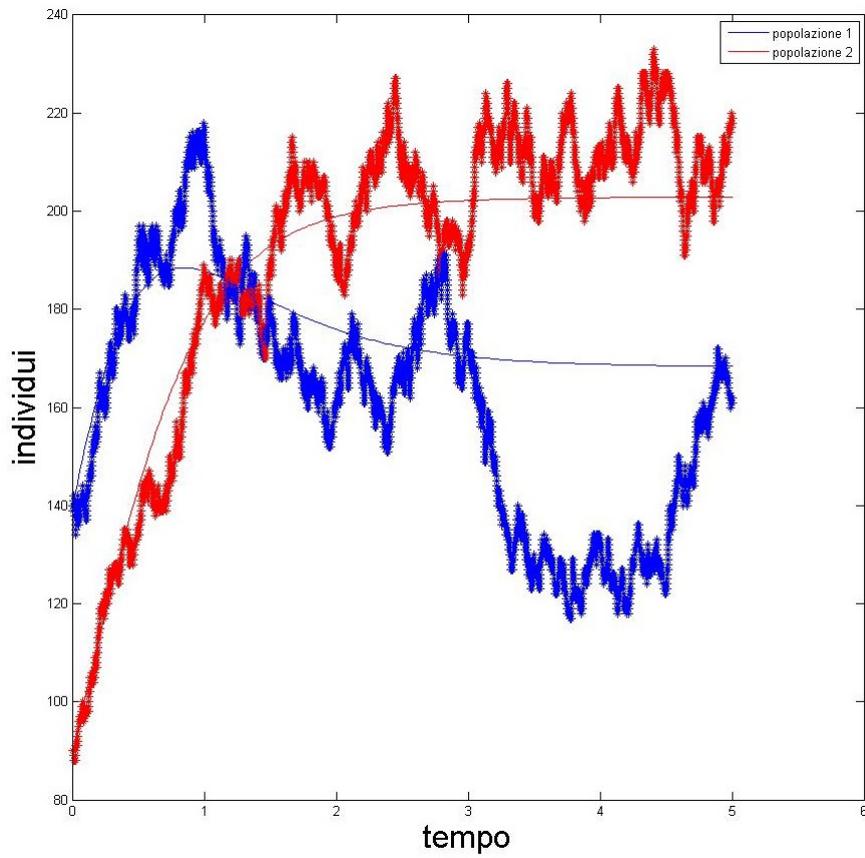


Figura 5.50: Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.9$; $a_{11} = 0.01$; $a_{12} = 0.006$; $a_{20} = 2.4$; $a_{21} = 0.01$; $a_{22} = 0.011$.

Le due popolazioni raggiungono l'equilibrio di coesistenza anche se i parametri indicano una forte competizione che viene risaltata dalla forte dispersione sulle soluzioni nella simulazione stocastica.

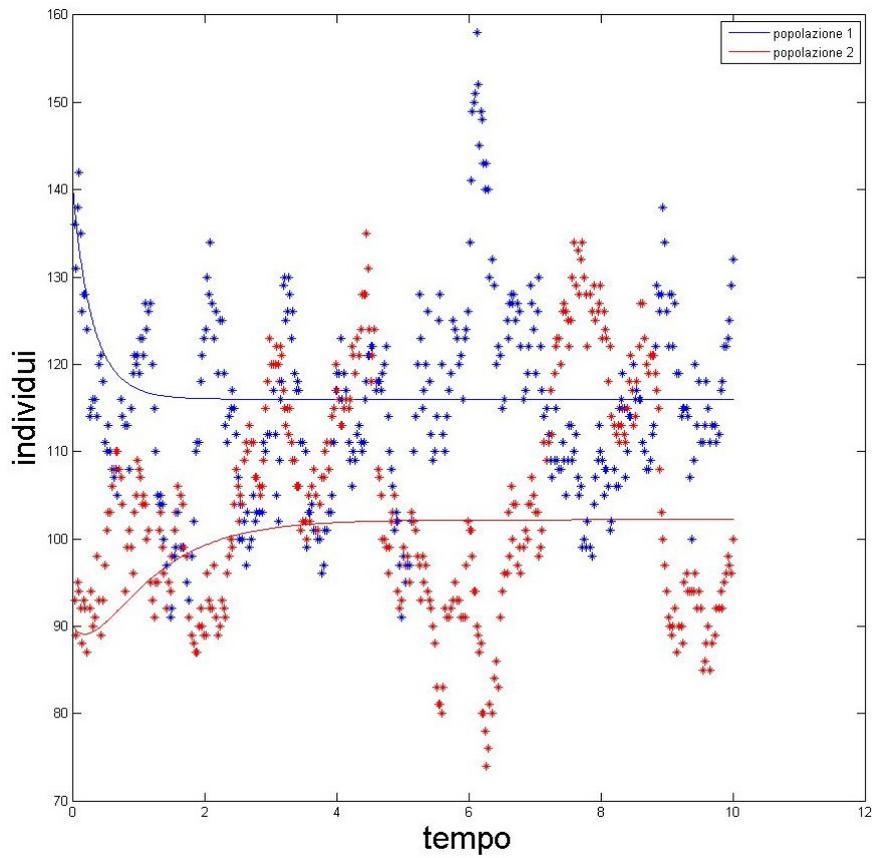


Figura 5.51: Due popolazioni interagenti. $a_{10} = 2.9$; $a_{11} = 0.025$; $a_{12} = 0$; $a_{20} = 2.4$; $a_{21} = 0.011$; $a_{22} = 0.011$.

La popolazione 2 viene predata dalla popolazione 1 come indicato dal parametro $a_{12} = 0$, sebbene il modello differenziale presenta un equilibrio di convivenza, le popolazioni del modello stocastico continuano ad “oscillare” con massimi e minimi che ricordano la ciclicità del modello preda-predatore.

Appendice

Codici Matlab utilizzati

Di seguito verranno riportati alcuni dei principali codici Matlab utilizzati.

Codice Matlab per il modello SIS:

```
1 function yp = SIS (t, y)
2
3 - global a b N
4 - yp= [ b*y(2) - a*y(1)*y(2)/N ; a*y(1)*y(2)/N - b*y(2) ];
```

Figura 5.52: Function Matlab del modello SIS

```

1 - clear all
2 - close all
3 - global a b N
4
5 - a=0.14;
6 - b=0.05;
7
8 - %start settaggio parametri
9 - t0=0;
10 - tf=300;
11 - tspan=[t0,tf];
12 - options=odeset('reltol',1e-8,'abstol',[1e-8, 1e-8]);
13 - %end settaggio parametri
14
15 - yo= [75 , 25 ];
16 - N= yo(1)+yo(2);
17
18 - [t,y]=ode45('SIS',tspan,yo,options);
19 -     plot(t,y(:,1));
20 -     hold on;
21 -     plot(t,y(:,2),'r');
22 -     xlabel('tempo');
23 -     ylabel('individui');
24 -     axis('square');
25 -     legend('susceptibili','infetti');
26 -     hold on;

```

Figura 5.53: Programma Matlab per simulazione del modello SIS differenziale

```

27
28 -   y=yo;
29 -   for t=1:tf
30 -       ynew= [0,0];
31 -       % S to I
32 -       for k=1:y(1)
33 -           if(rand<=a*y(2)/N)
34 -               ynew(2)=ynew(2)+1;
35 -           else
36 -               ynew(1)=ynew(1)+1;
37 -           end
38 -       end
39 -       % I to S
40 -       for k=1:y(2)
41 -           if(rand<=b)
42 -               ynew(1)=ynew(1)+1;
43 -           else
44 -               ynew(2)=ynew(2)+1;
45 -           end
46 -       end
47 -       y=ynew;
48 -       plot(t,y(1),'*');
49 -       hold on;
50 -       plot(t,y(2),'*r');
51 -       hold on;
52 -   end

```

Figura 5.54: Programma Matlab per simulazione del modello SIS stocastico

Codice MatLab del modello SIR:

```
1 function yp = SIR (t,y)
2
3 global a b N
4 yp= [-a*y(1)*y(2)/N ; a*y(1)*y(2)/N-b*y(2) ];
```

Figura 5.55: Function Matlab del modello SIR

```
1 - clear all
2 - close all
3 - global a b N
4
5 - a=0.5;
6 - b=0.25;
7
8 %start settaggio parametri
9 - t0=0;
10 - tf=50;
11 - tspan=[t0,tf];
12 - options=odeset('reltol',1e-8,'abstol',[1e-8, 1e-8]);
13 %end settaggio parametri
14
15 - yo= [90 , 10 ]; R=0;
16 - N= yo(1)+yo(2)+R;
17
18 - [t,y]=ode45('SIR',tspan,yo,options);
19 - plot(t,y(:,1));
20 - hold on;
21 - plot(t,y(:,2),'r');
22 - xlabel('tempo');
23 - ylabel('individui');
24 - axis('square');
25 - legend('suscettibili','infetti');
26 - hold on;
```

Figura 5.56: Programma Matlab per simulazione del modello SIR differenziale

```

27
28 -   y=y0;
29 -   for t=1:tf
30 -       ynew= [0,0];
31 -       % S to I
32 -       for k=1:y(1)
33 -           if(rand<=a*y(2)/N)
34 -               ynew(2)=ynew(2)+1;
35 -           else
36 -               ynew(1)=ynew(1)+1;
37 -           end
38 -       end
39 -       % I to S
40 -       for k=1:y(2)
41 -           if(rand<=b)
42 -               R=R+1;
43 -           else
44 -               ynew(2)=ynew(2)+1;
45 -           end
46 -       end
47 -       y=ynew;
48 -       plot(t,y(1),'*');
49 -       hold on;
50 -       plot(t,y(2),'*r');
51 -       hold on;
52 -   end

```

Figura 5.57: Programma Matlab per simulazione del modello SIR stocastico

Codice MatLab del modello L-V:

```
1 - function yp = LV (t,x)
2 -
3 -     global a10 a12 a20 a21
4 -     yp= [ x(1)*(a10-a12*x(2)) ; x(2)*(a21*x(1)-a20)];
```

Figura 5.58: Function Matlab del modello LV

```
1 - clear all
2 - close all
3 - global a10 a12 a20 a21
4 -
5 - a10 = 0.8;
6 - a12 = 0.02;
7 - a21 = 0.01;
8 - a20 = 0.7;
9 -
10 -
11 - %start settaggio parametri
12 - t0=0;
13 - tf=50;
14 - tspan=[t0,tf];
15 - options=odeset('reltol',1e-8,'abstol',[1e-8, 1e-8]);
16 - %end settaggio parametri
17 -
18 - yo= [120 , 80 ];
19 -
20 -
21 - [t,y]=ode45('LV',tspan,yo,options);
22 - plot(t,y(:,1));
23 - hold on;
24 - plot(t,y(:,2),'r');
25 - xlabel('tempo','FontSize', 24);
26 - ylabel('individui','FontSize', 24);
27 - legend('prede','predatori');
28 - hold on;
```

Figura 5.59: Programma Matlab per simulazione del modello LV differenziale

```

44 -     t=0;
45 -     y=y0;
46 -     while t<tf
47 -         P=a10*y(1)+a21*y(1)*y(2)+a12*y(1)*y(2)+a20*y(2);
48 -         t=t-log(rand)/P;
49 -
50 -         W=rand;
51 -         X=a10*y(1)/P;
52 -         if(W<X)
53 -             y(1)=y(1)+1;
54 -         else
55 -             X=X+a21*y(1)*y(2)/P;
56 -             if(W<X)
57 -                 y(2)=y(2)+1;
58 -             else
59 -                 X=X+a12*y(1)*y(2)/P;
60 -                 if(W<X)
61 -                     y(1)=y(1)-1;
62 -                 else
63 -                     y(2)=y(2)-1;
64 -                 end
65 -             end
66 -         end
67 -         %controllo non negatività
68 -         if(y(1)<0)
69 -             y(1)=0;
70 -         end
71 -         if(y(2)<0)
72 -             y(2)=0;
73 -             t=tf;
74 -         end
75 -
76 -         plot(t,y(1),'+');
77 -         plot(t,y(2),'+r');
78 -         hold on;
79 -
80 -     end

```

Figura 5.60: Programma Matlab per simulazione del modello LV stocastico

Codice MatLab del modello “due popolazioni interagenti”:

```
1 function yp = Competition (t,x)
2
3 global a10 a11 a12 a20 a21 a22
4 yp= [ x(1)*(a10-a11*x(1)-a12*x(2)) ; x(2)*(a20-a21*x(1)-a22*x(2))];
```

Figura 5.61: Function Matlab del modello “due popolazioni interagenti”

```
5 a10 = 2.9;
6 a11 = 0.025;
7 a12 = 0.00;
8 a20 = 2.4;
9 a21 = 0.011;
10 a22 = 0.011;
11
12 %start settaggio parametri
13 t0=0;
14 tf=10;
15 tspan=[t0,tf];
16 options=odeset('reltol',1e-8,'abstol',[1e-8, 1e-8]);
17 %end settaggio parametri
18
19 yo= [140 , 90 ];
20
21
22 [t,y]=ode45('Competition',tspan,yo,options);
23 plot(t,y(:,1));
24 hold on;
25 plot(t,y(:,2),'r');
26 xlabel('tempo','FontSize', 24);
27 ylabel('individui','FontSize', 24);
28 axis('square');
29 legend('popolazione 1','popolazione 2');
30 hold on;
```

Figura 5.62: Programma Matlab per simulazione del modello “due popolazioni interagenti” differenziale

```

34 -     t=0;
35 -     y=y0;
36 -     z=0;
37 -     while t<tf
38 -         P=y(1)*(a10+a11*y(1)+a12*y(2))+y(2)*(a20+a21*y(1)+a22*y(2));
39 -         t=t-log(rand)/P;
40 -
41 -         W=rand;
42 -         X=a10*y(1)/P;
43 -         if(W<X)
44 -             y(1)=y(1)+1;
45 -         else
46 -             X=X+a20*y(2)/P;
47 -             if(W<X)
48 -                 y(2)=y(2)+1;
49 -             else
50 -                 X=X+(a11*y(1)+a12*y(2))*y(1)/P;
51 -                 if(W<X)
52 -                     y(1)=y(1)-1;
53 -                 else
54 -                     y(2)=y(2)-1;
55 -                 end
56 -             end
57 -         end
58 -         %controllo non negatività
59 -         if(y(1)<=0)
60 -             y(1)=0+eps;
61 -         end
62 -         if(y(2)<=0)
63 -             y(2)=0+eps;
64 -         end
65 -
66 -         if(z==30)
67 -             z=0;
68 -             plot(t,y(1),'*');
69 -             plot(t,y(2),'*r');
70 -             hold on;
71 -         else
72 -             z=z+1;
73 -         end
74 -     end

```

Figura 5.63: Programma Matlab per simulazione del modello “due popolazioni interagenti” stocastico

Codici Matlab inutilizzati

Vengono riportati ora i codici di altri modelli sviluppati con Matlab ma non utilizzati nella tesi; per brevità vengono riportate solo le function e non i codici per le intere simulazioni numeriche.

```
1 function yp = Guerra (t,y)
2
3 - global a b
4 - yp= [ -b*y(2) ; -a*y(1)];
```

Figura 5.64: Function Matlab del modello “guerra” che descrive l’andamento delle popolazioni “fanteria esercito 1” e “fanteria esercito 2” durante uno scontro.

```
1 function N = BDProcess (t,n)
2
3 - global b d
4 - N= b*n-d*n;
```

Figura 5.65: Function Matlab del modello “Birth and Death process” che descrive l’andamento di una popolazione soggetta a natalità e mortalità.

```
1 function yp = LVLogistic (t,x)
2
3 - global a10 a12 a20 a21 k1
4 - yp= [ x(1)*(a10-x(1)/k1-a12*x(2)) ; x(2)*(a21*x(1)-a20*x(2))];
```

Figura 5.66: Function Matlab del modello Lotka-Volterra in cui la crescita della popolazione delle prede è descritta con un modello di crescita logistica.

Conclusione

Abbiamo esaminato due metodi di modellizzazione di fenomeni: stocastico e differenziale, confrontandoli tra loro ed applicandoli a vari problemi di biomatematica con dati simulati e con dati reali. Abbiamo osservato che modelli differenziali e DTMC sono equivalenti per il passo $\Delta t \rightarrow 0$ e che i rispettivi valori di equilibri asintoticamente stabili e distribuzioni invarianti sono gli stessi. Lavorando con dati reali, si é poi mostrato come le due modellizzazioni richiedano parametri differenti, secondo il criterio dell'errore quadratico dai dati osservati; quindi il modello stocastico richiede un'indentificazione dei parametri ad hoc sebbene questa, per tempi grandi, fará in modo che la distribuzione stazionaria sia diversa dall'equilibrio del modello differenziale. Si puó concludere quindi che la modellizzazione differenziale é la piú indicata ed utilizzata per far previsioni di fenomeni ma non puó prevedere situazioni limite che in natura possono invece verificarsi. La modellizzazione stocastica, al contrario, é in grado di prevedere tali comportamenti limite, i quali, spesso, non possono essere trascurati, specialmente in biomatematica dove le previsioni riguardano la vita di uomini o animali.

Il naturale sviluppo di questo lavoro sará incentrato sul verificare se le CTMC richiedano o meno una parametrizzazione ad hoc e se le loro soluzioni risultano piú o meno disperse rispetto alle soluzioni dei modelli basati su DTMC. Un altro possibile implemento puó essere lo sviluppo di algoritmi ottimizzati che riducano il grande tempo richiesto per simulare modelli basati su catene di Markov o la creazione e lo studio di modelli ibridi che utilizzano alcuni passi differenziali ed altri probabilistici.

Bibliografia

- [1] Linda J. S. Allen. An introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology. Texas Tech University, USA 2003.
- [2] Paolo Negrini. Le catene di Markov. Dispense del professore. Università di Bologna, 2014.
- [3] J. D. Lambert. Numerical Methods For Ordinary Differential System. Wiley, 1981.
- [4] Paolo Baldi. Calcolo delle probabilità e statistica. McGraw-Hill, 1998.
- [5] J. D. Murray. Mathematical Biology. Springer-Verlag, 1989.
- [6] D. Sulsky. Using Real Data in a SIR Model. 21/06/2012.
- [7] Philip Race. Some further consideration of the plague in Eyam, 1665/6. University of Liverpool.
- [8] Eyam. Wikipedia, l'enciclopedia libera.
https://en.wikipedia.org/wiki/Eyam#1665_plague_outbreak.
- [9] Lotka-Volterra. Wikipedia, l'enciclopedia libera.
https://it.wikipedia.org/wiki/Equazioni_di_Lotka-Volterra.

Ringraziamenti

Molte sono le persone che dovrei e vorrei ringraziare ma, per non dilungarmi eccessivamente, limiteró la lista a tre elementi.

Ringrazio la mia famiglia che mi ha supportato moralmente ed economicamente durante tutto il mio percorso di studi.

Ringrazio la professoressa Landi per la disponibilità, l'impegno, la professionalità e per la passione che mette e che trasmette nei suoi corsi.

Un ultimo ringraziamento é per il professor Negrini per avermi riappassionato alla matematica dopo un periodo di buio ed aridità intellettuale.