

Analisi matematica dell’impatto sulla popolazione di un lockdown durante la diffusione di un’epidemia

LAUREATA: DOTT.SSA MARIA VITTORIA BERTOLINO

Corso di Laurea: Matematica (cl. L-35)

Dipartimento di Matematica e Geoscienze - Università degli Studi di Trieste

Relatore: Prof. Alessandro Fonda

In questo contributo si presenta un modello matematico di tipo compartimentale che descrive la propagazione di una malattia all’interno di una popolazione. Si tiene conto della possibilità di attuare misure restrittive allo scopo di contrastare l’evoluzione dell’epidemia, ma che possono provocare altri danni alla popolazione stessa.

1. INTRODUZIONE

Inspirati dai fatti avvenuti in quest’ultimo anno in Italia con l’arrivo improvviso dell’epidemia di COVID-19, con questo articolo vogliamo cercare, *in primis*, di studiare come tramite *equazioni matematiche* si possa descrivere, seppur semplificando di molto la realtà, un avvenimento come la propagazione di una malattia per poi provare a rispondere alle domande che tutti si sono fatti in quest’ultimo anno:

- *Era davvero necessario un lockdown così restrittivo come quello iniziato a marzo 2020?*
- *Quali sono state le ripercussioni di tale scelta nella società?*
- *Avevamo alternative?*

Come vedremo nel corso di questo contributo, tramite la costruzione di un *modello matematico* specifico sarà possibile dare una risposta, seppur teorica, a ognuna di queste domande ma bisognerà tener conto delle semplificazioni, anche drastiche, che verranno fatte e cercare di interpretare con cautela i risultati ottenuti per non cadere in tranelli.

* Title: University Observatory - Degree Thesis Space.

Ma cos'è un *modello matematico*?

Nonostante il sostantivo “modello” in Italiano indichi comunemente «qualcosa da imitare, da cui prendere spunto» e l'aggettivo “matematico” sia sinonimo di perfezione e di absolutezza, nell'ambito della modellistica ciò non corrisponde al vero.

Un modello matematico è piuttosto una “caricatura” della realtà, una sua semplificazione. Esso è infatti il mezzo tramite cui il matematico, o chi si intenda di matematica, cerca di descrivere fatti naturali facendo uso di artefatti matematici. Per fare ciò, considerando la complessità della natura che ci circonda, si dovranno applicare delle ipotesi semplificative. Bisogna inoltre tener presente che lo scopo del modello matematico non è solo di pura descrizione di un fatto accaduto ma anche di poter “prevedere” come esso evolverà nel futuro.

Nel nostro caso parleremo di *modelli epidemiologici*. Tramite essi è possibile delineare l'andamento di un'epidemia all'interno di una popolazione, stimando a ogni istante di tempo il numero di individui *suscettibili* (sani e infettabili), *infetti* (malati) e *rimossi* (guariti o morti a causa della malattia); si potrà dunque non solo studiare la propagazione della malattia ma anche prevedere in quanto tempo si estinguerà e quante persone verranno infettate, ovviamente solo in via teorica.

È presente una grande varietà di modelli di questo tipo, ognuno con caratteristiche diverse adattate su malattie di diverso genere. Ovviamente, più variabili entrano in gioco (età degli individui, spostamenti, condizioni sanitarie pregresse, ecc.) più il modello sarà verosimile e attendibile; in questo articolo i modelli presentati saranno molto semplici da comprendere e da studiare ma, comunque, soprattutto per periodi di tempo brevi abbastanza attendibili.

Considereremo qui *modelli “compartimentali”*. In essi gli individui vengono divisi in classi in base alla loro condizione rispettivamente alla malattia. Nel primo modello che vedremo, ad esempio, la popolazione viene suddivisa in *suscettibili* (indicati dalla variabile S), *infetti* (indicati con I) e *rimossi* (rappresentati dalla R); in particolare, come anticipato sopra, saranno individui suscettibili tutte le persone che risultano

sane e non hanno contratto la malattia; risulteranno, invece, infetti tutti coloro che sono stati infettati, presentano i sintomi e possono propagare la malattia nella popolazione; la classe dei rimossi comprende tutto il resto della popolazione, cioè tutte le persone guarite dalla malattia, morte o geneticamente immuni al contagio. Questo è il modello più semplice da poter considerare.

In seguito, verrà presentato un modello con un compartimento aggiuntivo, in modo da poter studiare in modo migliore anche malattie che prevedano la presenza di un periodo di latenza (o anche periodo d'incubazione) in cui gli individui, dopo essere stati contagiati, non risultino ancora infetti in quanto non presentano sintomi e non sono ancora contagiosi.

Come si è potuto vedere, nel corso di quest'ultimo anno, l'arrivo di un'epidemia nuova e totalmente sconosciuta può provocare molti danni all'interno di una popolazione. Quello che è successo con l'avvento dell'epidemia di COVID-19 in Italia (studieremo solo la nostra situazione) nel febbraio 2020 è stato qualcosa che ha colto impreparati noi cittadini, la struttura sanitaria e i nostri governanti.

Vedendo l'alta contagiosità della malattia, i danni anche gravissimi che essa può portare alla persona e il collasso degli ospedali dovuto all'improvvisa necessità di nuovi reparti e posti letto (soprattutto in terapia intensiva), è stato introdotto un *lockdown generale* con lo scopo di bloccare l'epidemia e cercare di portarla al termine quanto prima possibile.

Quello che, però, viene naturale chiedersi è quali compromessi abbiamo accettato per cercare di contrastare la diffusione di questa malattia e, visto il prolungarsi della situazione, se sia quella del lockdown generale la "scelta ottimale".

Allo scopo di rispondere a questi quesiti in questo contributo verrà presentato un modello epidemiologico implementato con un fattore che tenga conto sia dei lati positivi sia dei lati negativi di una chiusura generale, cercando di scegliere l'"intensità" di *lockdown* più adatta per avere sia un rallentamento nella diffusione dell'epidemia sia un contenimento dei danni collaterali sulla popolazione.

Per motivare ulteriormente lo studio svolto, vorrei sottolineare il fatto che una situazione di lockdown può portare, a causa delle chiusure di attività e aziende, sia a problemi economici alle persone sia a danni psicologici.

Questi due fattori si vanno a sommare ai danni provocati dal sovraffollamento ospedaliero che, se si presenta come in Italia nel corso di quest'ultimo anno, può portare alla sottovalutazione di alcune patologie già presenti nella popolazione e che possono essere trascurate a causa della mancanza di personale e/o di reparti; si è sentito, infatti, di attività di screening momentaneamente bloccate o di pronto soccorso chiusi a causa dell'emergenza sanitaria.

Tutti questi fattori sommati, oltre a essere già dannosi per la società, possono portare, se trascurati a lungo, alla riduzione dell'aspettativa di vita delle persone e al decremento delle nascite negli anni seguenti e pertanto a un invecchiamento della popolazione e a una diminuzione della durata di vita media.

2. IL MODELLO SIR CON LOCKDOWN

Per iniziare, quindi, introduciamo il modello di tipo SIR. Esso fu studiato da Kermack e McKendrick nel 1927¹ con lo scopo di studiare l'epidemia di peste presentatasi a Bombay nel 1905-1906. Esso prende il nome dai *compartimenti* in cui si suddivide la popolazione: *suscettibili*, *infetti* e *rimossi*. Ne faremo un breve richiamo prima di implementarlo con un *lockdown*.

Per costruirlo necessitiamo di alcune ipotesi. In particolare, dobbiamo supporre che tutti gli individui suscettibili siano infettabili nello stesso modo, le persone infette siano tutte ugualmente contagiose e che una volta rimosse esse siano immuni alla malattia. Considereremo inoltre malattie per le quali il contagio possa avvenire solo tramite contatto diretto tra due persone (una infetta e una suscettibile) e supporremo quindi che l'essere infetto non modifichi le abitudini del soggetto (non diminuiranno, quindi, i contatti con altre persone).

¹ Cfr. KERMACK, MCKENDRICK 1927.

Studieremo inoltre un'epidemia che si sviluppi in un periodo di tempo relativamente breve, durante il quale si possa considerare costante la popolazione (in particolare trascureremo le nascite e le morti naturali).

Passiamo quindi a costruire il modello. Sia α il numero di contatti tra le persone e β il tasso di rimozione (o meglio, consideriamo che $1/\beta$ sia il tempo medio in cui un individuo risulta essere infetto); notiamo inoltre che se ogni persona incontra in media α persone, considerando popolazioni molto grandi, possiamo dire che di questi α contatti un numero I/N di essi risulterà in un'infezione, dove I indica gli infetti e N è il numero di individui nella popolazione totale.

Indicheremo con $S = S(t)$, $I = I(t)$, $R = R(t)$ il numero di suscettibili, infetti e rimossi al tempo t , rispettivamente. Supporremo che la loro somma sia costante nel tempo, ossia

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

Indichiamo con $\dot{S}(t)$, $\dot{I}(t)$, $\dot{R}(t)$ le derivate delle rispettive funzioni.

Fatte queste considerazioni possiamo scrivere il sistema di equazioni differenziali ordinarie relativo al modello SIR:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\alpha S \frac{I}{N} \\ \dot{I} = \alpha S \frac{I}{N} - \beta I \\ \dot{R} = \beta I, \end{cases}$$

con condizioni iniziali $S_0 = S(t_0) > 0$, $I_0 = I(t_0) > 0$, $R_0 = R(t_0) = 0$.

In particolare, con tali condizioni eliminiamo la presenza di individui geneticamente immuni alla malattia.

Visto il sistema relativo al modello SIR, possiamo passare alla sua implementazione che tenga conto della possibilità di introdurre misure restrittive al fine di rallentare i contagi e portare a termine l'epidemia più velocemente.

Per iniziare introduciamo un “parametro di lockdown” $L \in [0,1)$ in cui con $L = 0$ si indica la totale assenza di lockdown mentre con $L = 1$ si vorrebbe indicare la possibilità di isolare ogni persona singolarmente e quindi azzerare il numero di contatti. Ovviamente, quest’ultima possibilità non è attuabile nella realtà e per questo viene esclusa dai valori considerati per il parametro L .

Iniziamo considerando gli effetti benefici di un lockdown e quindi il fatto che esso riduca i contatti tra le persone.

Otterremo quindi il sistema:

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

Si nota immediatamente che con il crescere del valore di L si riducono i contatti tra le persone e quindi si riduce il numero di nuovi infetti per unità di tempo.

Come secondo passo suddividiamo la popolazione in due parti considerando

$$N = N_1 + N_2,$$

in cui N_1 individua le persone nella popolazione che hanno la possibilità di lavorare in modalità smart-working e che quindi non avranno danni economici a seguito dell’introduzione di un lockdown mentre N_2 indica la parte di popolazione che non ha questa possibilità e che quindi si ritroverà a dover chiudere le attività o a diminuire se non azzerare le ore di lavoro rispetto a una situazione in assenza di chiusure.

Si considereranno, quindi, anche i rispettivi individui in ogni compartimento ottenendo S_j, I_j e R_j con $j = 1, 2$.

Abbiamo prima notato i lati positivi dell’introduzione di un lockdown nella popolazione. Passiamo ora a considerare gli eventuali lati negativi e per fare ciò divideremo ulteriormente il compartimento dei rimossi in due sotto-compartimenti in questo modo:

$$R_j = R_j^v + R_j^m \text{ con } j = 1, 2$$

dove gli apici “v” e “m” indicano rispettivamente i rimossi “vivi” e i rimossi “morti”. Tale lavoro viene fatto con lo scopo di considerare una morte aggiuntiva causata dal lockdown e in particolare otterremo:

$$\dot{R}_j^m = \mu I_j + c_j \Gamma(L)(N_j - R_j^m) \text{ con } j = 1, 2$$

Notiamo immediatamente che il primo addendo nella seconda parte dell’equazione rappresenta i morti dovuti alla malattia (μ è il *tasso di mortalità* proprio della malattia) mentre il secondo addendo rappresenta la morte causata dal lockdown.

In particolare, la funzione $\Gamma(L)$ sarà una funzione che regolerà la crescita dei morti all’aumentare del valore del *parametro di lockdown*; a questo fine vogliamo considerare una funzione tale che $\Gamma(0) = 0$, in quanto in assenza di lockdown è normale assumere che non ci siano morti aggiuntive e tale che $\Gamma(L) \rightarrow +\infty$ per $L \rightarrow 1$.

Una funzione che si comporta in questo modo, per $L \in [0,1)$ è, ad esempio:

$$\Gamma(L) = \frac{L}{1-L}$$

Per parlare delle due costanti c_1 e c_2 bisogna sottolineare il fatto che nei rimossi morti non vengono considerate solo le persone effettivamente decedute.

Stiamo, infatti, considerando in questo compartimento sia le persone decedute a causa della malattia sia tutte le persone che vengono fortemente colpite dall’introduzione di un lockdown; in questa classe rientrano infatti sia le persone che perdono la possibilità di lavorare, sia le persone che presentano danni psicologici dovuti alle restrizioni imposte o, più in generale, causati da una situazione improvvisa che cambia drasticamente le condizioni economiche.

Consideriamo inoltre le persone che risentano del sovraffollamento ospedaliero che si può presentare con un’epidemia improvvisa come è accaduto nel nostro Paese lo scorso anno, quindi consideriamo le persone che presentano altre patologie per le

quali necessitano di controlli continui che vengono momentaneamente sospesi per far fronte all'emergenza sanitaria imminente.

Riassumendo, stiamo considerando tutte le persone che sono “morte per la società”, in quanto presentano gravi danni economici o psicologici e che quindi rendono queste persone bisognose di sussidi da parte dello Stato o di eventuali enti.

Per come abbiamo definito le popolazioni N_1 e N_2 , possiamo supporre che la popolazione N_1 non abbia danni economici dovuti al lockdown e per questo supporremo $c_1 < c_2$ indicando che la popolazione N_1 sia meno danneggiata da un lockdown rispetto alla popolazione N_2 .

Il sistema che otteniamo con queste ipotesi è:

$$\begin{cases} \dot{S}_j = -(1-L)\alpha S_j \frac{I_1 + I_2}{N} - c_j \Gamma(L)(N_j - R_j^m) \\ \dot{I}_j = (1-L)\alpha S_j \frac{I_1 + I_2}{N} - (\beta + \mu)I_j \\ \dot{R}_j^v = \beta I_j \\ \dot{R}_j^m = \mu I_j + c_j \Gamma(L)(N_j - R_j^m) \end{cases}$$

con $j = 1, 2$ e in cui viene modificata l'interpretazione di β che non rappresenta più il *tasso di rimozione* ma il *tasso di guarigione*.

Avendo a nostra disposizione questo modello, quello che faremo ora è semplicemente studiare l'andamento dell'epidemia al variare del parametro di lockdown.

In particolare, studieremo un'epidemia che abbia una durata, in assenza di lockdown, di circa 60 giorni e proveremo a vedere quale possa essere la scelta ottimale per il parametro L con lo scopo di ridurre sia l'ampiezza dell'epidemia (e quindi il numero di persone infettate) sia la percentuale di morti.

Iniziamo quindi a studiare i grafici relativi alla percentuale di infetti e di morti con tre diversi valori di L cercando di farci un'idea di quale possa essere la miglior scelta da fare. Quello che si nota dalla Figura 1 è che anche un lockdown molto lieve ($L = 0.2$) provoca un abbassamento drastico del picco di infetti nella popolazione. Con

l'aumentare del lockdown, invece, ponendo ad esempio $L = 0.7$, si può notare come l'epidemia venga bloccata sul nascere e ciò si vede dall'andamento decrescente del grafico (in giallo).

Studiamo, come detto in precedenza, una malattia che abbia una durata di circa 60 giorni; possiamo vedere dalla Figura 1 che al termine dei 60 giorni, in una situazione in totale assenza di lockdown il numero di individui infetti sarà approssimabile a 0.

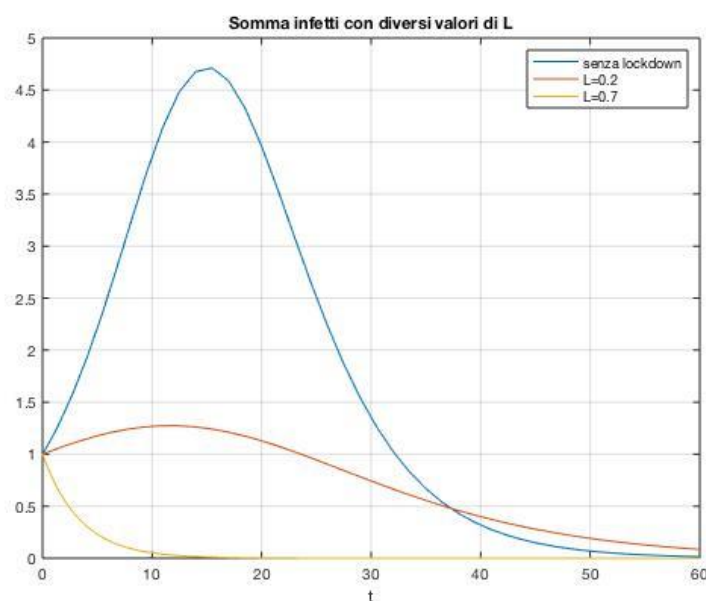


Figura 1: Grafico della percentuale di infetti con tre diversi valori di L .

Quello che si nota dal grafico in Figura 1 è che la presenza di un lockdown non solo diminuisce il numero di infetti ma fa in modo che l'epidemia duri di meno. In particolare, relativamente a quest'ultima osservazione, dal grafico si evince che con un'intensità di lockdown $L = 0.7$ l'epidemia si estingue in circa 20 giorni.

Sottolineiamo il fatto che, però, questo non si può sapere a priori, in quanto ciò dipende strettamente dal *tasso di contagio* dell'epidemia che potrebbe non essere facilmente stimabile, soprattutto all'inizio della diffusione di una malattia quando, solitamente, viene presa la decisione di introdurre un lockdown.

Per questo motivo sceglieremo di studiare anche l'andamento dei morti con lockdown in un periodo di tempo di 60 giorni. Lo scopo è quello di stimare i "danni"

che potrebbe portare una scelta di questo tipo se dovesse essere applicata per un lungo periodo di tempo.

Come si è visto, infatti, nel corso di quest'ultimo anno in Italia, la scelta di un lockdown molto forte come quello vissuto nei mesi di marzo e aprile 2020 può apparentemente portare l'epidemia al termine ma, non conoscendo i valori del tasso di contagio α , si può rivelare poco efficace e portare solo a una grave perdita economica per alcune fasce di popolazione, senza prevenire ulteriori picchi di infetti. Per queste motivazioni, sapendo che non si può conoscere a priori la durata dell'epidemia e di conseguenza la durata del lockdown, studieremo, per tutti i valori del parametro L l'andamento dei morti in un periodo di 60 giorni.

Quello che si evince dal grafico in Figura 2 è che anche se un lockdown con intensità 0.7 risulta efficace relativamente al numero di infetti, esso non è il valore ottimale se si studia la percentuale di morti. Come si può vedere, infatti si passa da una mortalità del 10% (senza lockdown) a una percentuale molto più alta (circa 25%) con $L = 0.7$. Sembra che una scelta migliore da fare sia un lockdown pari a 0.2 in quanto oltre a portare una diminuzione nel picco di infetti, esso provoca anche un decremento nella mortalità.

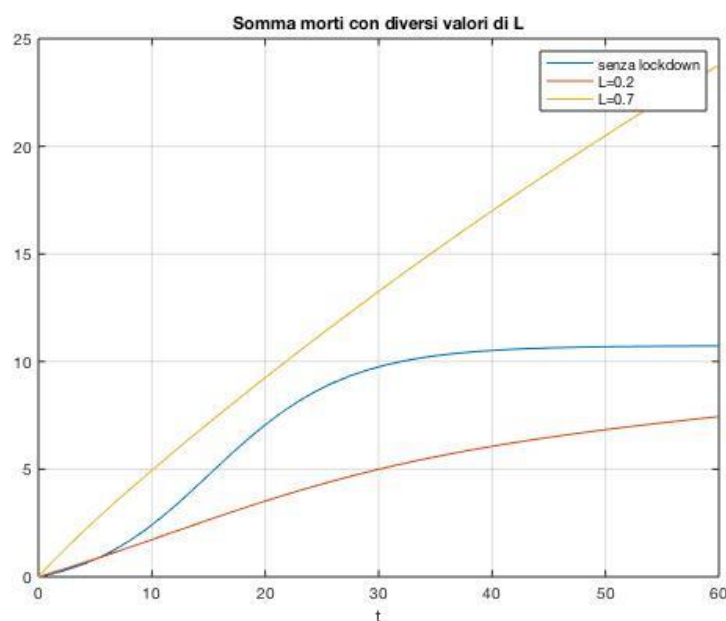


Figura 2: Grafico della percentuale di morti con tre diversi valori di L .

Per farci un'idea più chiara di quale possa essere la scelta ottimale proveremo a studiare l'andamento dei morti prendendo in considerazione più valori del *parametro di lockdown*. In particolare, nella tabella sottostante vengono riportati i valori percentuali di individui suscettibili, e che quindi a fine epidemia risultano essere sani e mai infettati, e "morti". Considerando questi valori possiamo farci un'idea su quali possano essere le conseguenze del voler adottare misure troppo restrittive (cfr. Tabella 1).

Quello che si può vedere dai dati riportati in tabella è che un lockdown molto forte, rappresentabile con $L = 0.7, 0.8, 0.9$, fa aumentare drasticamente la percentuale degli individui che noi consideriamo morti e ciò è dovuto al fatto che più forti saranno le misure restrittive adottate, più persone si ritroveranno con l'attività lavorativa bloccata e quindi con gravi perdite economiche.

L	Suscettibili (%)	Morti (%)
0	49.9	10.7
0.1	61.8	9.0
0.2	76.1	7.0
0.3	86.4	6.2
0.4	88.8	7.5
0.5	87.5	10.1
0.6	84.0	14.3
0.7	77.9	20.8
0.8	66.9	32.0
0.9	43.8	55.3

Tabella 1.

C'è da sottolineare il fatto che non è nostra volontà dare poca importanza ai morti dovuti alla malattia che, come nel caso del COVID-19, possono essere anche molti. Non vogliamo mettere tutto sotto un punto di vista economico ma, per quanto detto anche in precedenza, ritrovandosi in una situazione di improvvisa emergenza capita spesso di concentrarsi solo sui danni provocati da quest'ultima, tralasciando alcuni fattori che

potrebbero essere altrettanto devastanti per la società con lo scorrere del tempo. Sebbene sia vero che un lockdown molto forte limiti i danni provocati dall'epidemia, dovremmo allora chiederci se saremo in grado di far fronte ai danni economici e psicologici che esso può provocare alla società anche in un breve periodo di tempo.

Ciò che bisogna sottolineare è che, mentre nel nostro modello avviene tutto immediatamente e, in particolare, i morti aumentano sin dall'introduzione di un lockdown, nella realtà i danni dovuti a quest'ultimo si verificano a distanza di qualche mese e, quindi, la scelta di una chiusura totale potrebbe avere, inizialmente, solo lati positivi e quindi trarre in inganno.

Tornando alla scelta del valore ottimale, invece, quello che si evince dalla tabella è che, senza ombra di dubbio un'intensità pari a 0.3 (e quindi molto lieve) sia l'alternativa migliore da adottare, in quanto non solo diminuisce drasticamente la mortalità portandola dal 10.7% al 6.2%, ma aumenta di molto anche la percentuale di individui che non contraggono la malattia (dal 49.9% al 86.4%). Quest'ultimo fatto è molto importante, in quanto significa che si possono gestire al meglio i posti negli ospedali e quindi evitare ulteriori disagi.

Facendo un discorso più generale, possiamo affermare che, se dovessimo decidere di attuare misure restrittive durante la diffusione di un'epidemia, la scelta sull'intensità di tali misure può ricadere nei valori di L minori di 0.5 in quanto in tutte queste scelte si ha un miglioramento sia in termini di mortalità sia in termini di ampiezza dell'epidemia.

3. MODELLO DI TIPO SEIR CON *LOCKDOWN*

Passiamo ora allo studio di un *modello compartimentale* che tenga conto della presenza di un periodo di latenza del virus. La presenza di un periodo di incubazione del virus può essere espressa matematicamente con l'implementazione del modello SIR attraverso l'aggiunta di un *compartimento*, indicato con la lettera E, che individui gli individui "esposti". Quest'ultimi sono tutti coloro che sono stati contagiati ma non presentano

ancora i sintomi dell'infezione e non sono ancora contagiosi. Mettendoci nelle stesse ipotesi utilizzate per costruire il modello di tipo SIR, e supponendo che il periodo di latenza abbia una durata media pari a $1/\sigma$, il modello è rappresentato dal sistema:

$$\begin{cases} \dot{S} = -\alpha S \frac{I}{N} \\ \dot{E} = \alpha S \frac{I}{N} - \sigma E \\ \dot{I} = \sigma E - \beta I \\ \dot{R} = \beta I, \end{cases}$$

con condizioni iniziali $S_0 > 0$, $E_0 = 0$, $I_0 > 0$, $R_0 = 0$, supponendo che al tempo iniziale siano presenti solo individui infetti che presentano sintomi e, ovviamente, individui che devono ancora contrarre il virus.

Prima di passare allo studio dello stesso modello con l'aggiunta di un lockdown dobbiamo sottolineare il fatto che la presenza di un periodo di latenza ritarda di qualche giorno l'inizio dell'epidemia. Questo fatto si traduce in una crescita iniziale più lenta del numero di infetti e causa, inoltre, un ritardo nella fine dell'epidemia. Abbiamo dovuto chiarire questo fatto in quanto nello studio di un'epidemia descrivibile tramite un modello di tipo SEIR con l'introduzione di un lockdown dovremmo raddoppiare il periodo di tempo studiato.

Fatta questa precisazione, nello stesso modo in cui abbiamo costruito il modello visto in precedenza possiamo ottenere il sistema descrivente un modello di tipo SEIR con l'implementazione di un lockdown.

$$\begin{cases} \dot{S}_j = -(1 - L)\alpha S_j \frac{I_1 + I_2}{N} - c_j \Gamma(L)(N_j - R_j^m) \\ \dot{E}_j = (1 - L)\alpha S_j \frac{I_1 + I_2}{N} - \sigma E_j \\ \dot{I}_j = \sigma E_j - (\beta + \mu)I_j \\ \dot{R}_j^v = \beta I_j \\ \dot{R}_j^m = \mu I_j + c_j \Gamma(L)(N_j - R_j^m), \end{cases}$$

con $j = 1, 2$.

Avendo il sistema possiamo, ora, studiarlo qualitativamente come abbiamo fatto per il modello di tipo SIR. Come anticipato, faremo lo stesso studio fatto in precedenza solo in un periodo di tempo di 120 giorni invece di 60 giorni.

Iniziamo, quindi riportando il grafico della percentuale di infetti e morti sulla popolazione totale con tre diversi valori di lockdown con lo scopo di farci un'idea iniziale su quale possa essere la scelta ottimale da adottare in questo caso.

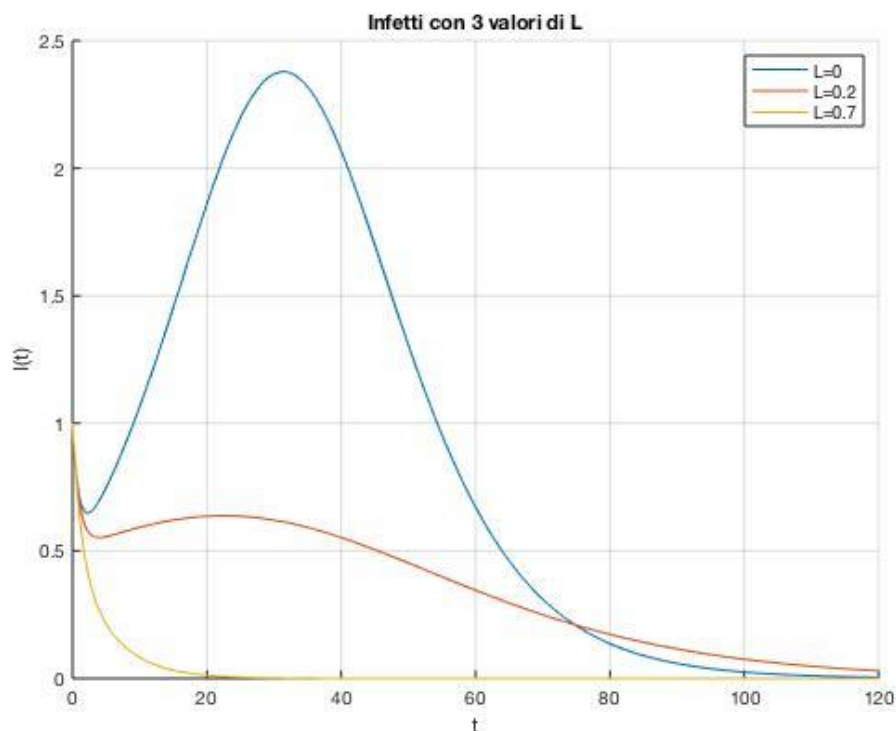


Figura 3: Grafico della percentuale di infetti per tre valori di L .

Come si può vedere dalla Figura 3, la situazione è analoga a quella vista per il modello precedente. Iniziamo notando che, come anticipato, in tutti e tre i casi c'è una decrescita iniziale nel numero di infetti e ciò è dovuto proprio alla presenza del periodo di latenza che provoca un ritardo nella manifestazione dei sintomi da parte della persona.

Ciò che si può notare, inoltre, è il fatto che mentre un lockdown lieve ($L = 0.2$) faccia calare di molto il picco ma non eviti la diffusione dell'epidemia, attuando un lockdown più forte ($L = 0.7$) si blocca la propagazione di quest'ultima immediatamente portando essa al termine in circa 20 giorni.

Poiché, al contrario di quanto avviene nella nostra simulazione, non possiamo sapere a priori quanto durerà la propagazione della malattia nella popolazione, studieremo l'andamento della percentuale di morti nei 120 giorni per tutti i valori di L anche se per $L = 0.7$ potrebbe bastare studiarli per soli 20 giorni.

Quello che si vedrà dalla Figura 4 è qualcosa di simile a quanto visto per il modello precedente. Infatti, sebbene un lockdown forte possa sembrare la scelta ottimale in termini di propagazione dell'epidemia, esso non è assolutamente una scelta consigliabile in termini di "mortalità".

Nella realtà, infatti, non sapendo a priori quanto possa durare una chiusura di questo genere, tale scelta potrebbe risultare altamente lesiva nei confronti della popolazione, soprattutto in termini economici.

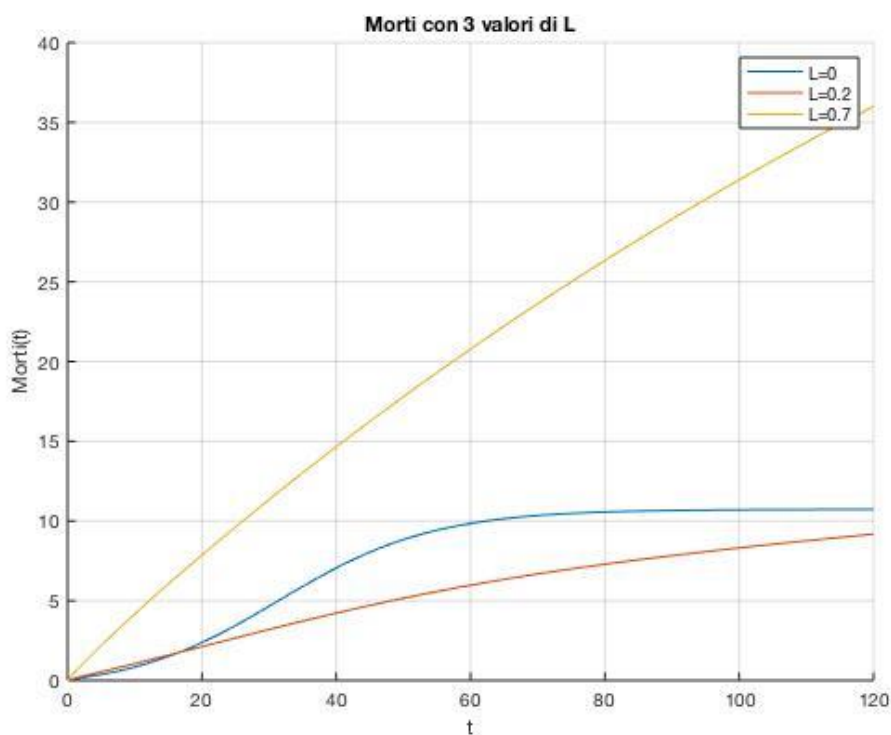


Figura 4: Grafico della percentuale di morti per tre valori di L .

Passeremo ora, dopo esserci fatti un'idea su quali saranno le nostre aspettative in questo caso, allo studio della tabella (cfr. Tabella 2) che terrà conto di più valori dell'intensità di lockdown e potrà fornirci qualche dato in più.

<i>L</i>	Suscettibili (%)	Morti (%)
0	49.9	10.7
0.1	61.3	9.9
0.2	74.6	9.2
0.3	82.8	10.1
0.4	83.0	13.3
0.5	79.2	18.5
0.6	72.7	25.6
0.7	62.7	35.9
0.8	47.3	51.6
0.9	22.5	76.6

Tabella 2.

Quello che si può evincere dalla tabella è che, in questo caso, la scelta ottimale per il lockdown ricade in un valore di L minore di 0.3 e, più precisamente $L = 0.2$. Vorremmo scegliere tale valore per le stesse motivazioni date in precedenza. Esso infatti riesce a ridurre la mortalità nella popolazione di più di un punto percentuale e ad aumentare la percentuale di individui non coinvolti nell'epidemia dal 49.9% al 74.6%.

Il fatto che il valore d'intensità di lockdown sia diminuito è certamente dovuto al periodo di tempo che viene raddoppiato rispetto alla situazione descritta dal modello SIR. È normale pensare, infatti, che più a lungo si propagherà la malattia e meno sia consigliabile adottare misure restrittive severe. Basti pensare ai danni economici che può provocare al Paese la scelta di adottare un lockdown quasi totale ($L = 0.7, 0.8$) per 4 mesi.

4. CONCLUSIONI

Cercando di riassumere quanto illustrato in questo contributo, bisogna innanzitutto sottolineare che i modelli presentati sono sicuramente molto semplificati rispetto alla complessità della realtà.

Una delle semplificazioni più importanti è stata fatta nelle ipotesi relative al parametro di lockdown L : bisogna sottolineare, infatti, che non solo è difficile interpretare i valori di tale parametro ma, soprattutto, essi non possono essere tenuti fissi per lunghi periodi di tempo. Guardando a ciò che è accaduto in Italia nel corso del 2020, infatti, possiamo notare che si sono susseguiti “valori di L ” diversi. Ciò che normalmente viene attuato in una situazione reale è, infatti, un lockdown generale e duro in situazioni davvero gravi, in cui gli ospedali sono oberati di lavoro e in cui non si sappia come gestire una realtà che coglie la popolazione alla sprovvista; queste misure verranno poi, in seguito a un calo dei contagi, diminuite cercando di riaprire alcune attività prendendo decisioni nel corso del tempo e lavorando quanto più tempestivamente possibile sull’evoluzione dell’epidemia. Vengono quindi alternati diversi valori di L in base alla situazione presente.

Come già detto in precedenza sono da “prendere con le pinze” anche i valori delle costanti scelte per i modelli, come ad esempio il tasso di mortalità μ o di rimozione β , in quanto non sono calcolabili precisamente ma solo stimabili e, a volte, con poca precisione, soprattutto all’inizio dell’evoluzione della malattia.

Un’ultima osservazione è da farsi sul fatto che i sistemi presentati non considerano ritardi nel tempo. In particolare, parlando ancora dei danni che può provocare un lockdown sulla popolazione, è ragionevole pensare che gli effetti di una perdita economica colpiscano le persone dopo un certo periodo di tempo e non immediatamente. Nella realtà, quindi, bisogna stare ancora più attenti ai danni che potrebbe portare un lockdown drastico protratto a lungo.

L’ultima osservazione che voglio fare è sul fatto che nel corso di questo articolo non si è cercato di costruire un modello matematico che descriva propriamente il COVID-19, perché non abbiamo dati precisi sui diversi tassi di contagio, rimozione e mortalità di questo virus. Un modello più realistico dovrebbe, inoltre, avere una struttura molto più complessa dei modelli qui presentati, ma lo scopo di questo lavoro era di

evidenziare un fenomeno qualitativo piuttosto che entrare nei dettagli di un modello più strutturato.

NOTA

Questo contributo è stato ricavato dallo studio svolto durante l'elaborazione della mia Tesi di Laurea triennale in Matematica, con la supervisione del Prof. Alessandro Fonda.

BIBLIOGRAFIA

KERMACK W. O., MCKENDRICK A. G.

1927, *Contributions to the mathematical theory of epidemics*, London, Proc. Royal Soc. London Ser. A, Vol. 115, Issue 772.

PER APPROFONDIRE

BENDER E. A.

1978, *An introduction to mathematical modeling*, New York, John Wiley & Sons.

BRAUER F., CASTILLO-CHAVEZ C., FENG Z.

2019, *Mathematical models in epidemiology*, New York, Springer Science+Business Media.

KEELING M. J., ROHANI P.

2007, *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*, Princeton, Princeton University Press.

MAWHIN J.

2017, *Les modèles mathématiques sont-ils des modèles à suivre?*, Bruxelles, Académie Royale de Belgique.

MURRAY J. D.

1993, *Mathematical Biology I: An Introduction*, New York, Springer.

STEFAN M., YINGCUN X.

2009, *Mathematical understanding of infectious disease dynamics*, Lecture Notes Series Institute for Mathematical Sciences, Singapore, National University of Singapore, Vol. 16.

MARIA VITTORIA BERTOLINO
Monfalcone
mariavittoriabertolino@gmail.com