

Matematica e Epidemie

Il Modello SIR

Luca Granieri

granieriluca@libero.it; Liceo Scientifico E. Fermi, Bari

La pandemia da Covid-19 ha inciso sulla vita e sulle abitudini dei cittadini del mondo intero, molto spesso purtroppo in modo anche tragico. Tra le ormai acquisite consuetudini giornaliere (distanziamento, mascherine, igienizzazione, ecc.) c'è anche la consultazione dei dati (infetti, decessi, ospedalizzazioni ecc.) e conseguenze di *modelli* (più o meno matematici) interpretativi (crescita esponenziale, numero riproduttivo di base, ecc.) sull'andamento della pandemia. Naturalmente, specie per fenomeni così variegati e complicati, la necessità di produrre strumenti di gestione e previsione accurati si accompagna ad un elevato grado di complessità, spesso accessibile soltanto agli specialisti. Ma è un diritto-dovere di scienziati e cittadini quello di promuovere un dialogo serio e fruttuoso, non soltanto per difendersi da *fake news*, scetticismi poco fondati e strumentalizzazioni di sorta, ma soprattutto per valutare le decisioni che in circostanze come queste possono fare la differenza tra la vita e la morte di molti. In questa sede ci limitiamo a fornire alcuni elementi del cosiddetto *Modello SIR* delle epidemie in una versione (relativamente) semplificata fruibile a partire dal livello di scuola secondaria superiore.

1 Il modello SIR

L'acronimo SIR sta per *suscettibili* (all'infezione e a sviluppare-diffondere la malattia), *infetti* (sviluppano e diffondono la malattia), *rimossi* (morti, immunizzati, quarantenati ecc.). Nella fattispecie, la popolazione totale N è suddivisa in tre gruppi in modo che i suscettibili S possono diventare infetti I venendo a contatto con il patogeno di turno. Entrambi S e I possono diventare rimossi R , ad esempio se un malato muore, oppure perché un soggetto diventa immune a causa di un vaccino o della guarigione, oppure se isolati dal resto della popolazione tramite quarantena. Come ipotesi semplificatrice richiediamo però che i rimossi non possano tornare indietro negli altri due gruppi. Modellizziamo questi gruppi tramite tre funzioni del tempo $S(t), I(t), R(t)$ la cui somma è costante $N = R(t) + S(t) + I(t)$. Si tratta ovviamente di tre funzioni limitate a valori in $[0, N]$. Ci aspettiamo che la funzione $S(t)$ sia decrescente (i suscettibili non possono che diminuire per effetto di infezione o rimozione) a partire da un valore iniziale $S(0) = S_0$ che sarà in genere molto vicino ad N , magari perché l'epidemia parte da un solo infetto iniziale, il cosiddetto *caso zero*. D'altra parte, la $R(t)$ sarà crescente (i rimossi non possono che aumentare per morte, immunizzazione ecc.) eventualmente da un valore iniziale $R(0) = 0$. Per la

funzione I invece avremo un dato iniziale $I(0) = I_0 > 0$ e in genere ci si augura che possa decrescere anche lei rapidamente, anche se in genere dobbiamo aspettarci una funzione rapidamente crescente in una prima fase (talvolta in modo esponenziale) che, dopo un cosiddetto *picco epidemico*, cominci poi a rallentare diminuendo e alla lunga esaurendosi da sé. Per dire qualcosa di più utile e concreto occorre precisare come queste funzioni possano variare nel tempo. Cominciamo con i suscettibili, e in prima battuta possiamo ritenere che decrescano perché un suscettibile ha incontrato un infetto, infettandosi a sua volta. Ma quanti di questi incontri possono avvenire? Prendendo in prestito, per così dire, dalla meccanica statistica la descrizione di questi incontri come *urti tra particelle*, la probabilità che un S incontri un I è proporzionale al prodotto $S \cdot I$. Introduciamo allora un fattore costante α che rappresenta quindi un tasso di contagio sulla frazione di incontri che danno luogo ad una nuova infezione. Perveniamo così alla seguente equazione $S'(t) = -\alpha S(t) \cdot I(t)$, dove $S'(t)$ denota la derivata di S rispetto al tempo, ovvero la velocità con la quale la funzione cambia nel tempo, mentre il segno meno codifica il fatto che S decresce. Di concerto, ogni suscettibile così contagiato va ad aumentare il numero di infetti. Tuttavia, dagli infetti dobbiamo togliere tutti quelli che vengono poi rimossi. Introduciamo allora un coefficiente β che rappresenta il tasso di rimozione, ossia la frazione di infetti che purtroppo muore, oppure riesce ad essere identificata ed isolata dalla popolazione, o che guarisce restando immunizzata alla malattia. L'equazione corrispondente è allora $I'(t) = \alpha S(t) \cdot I(t) - \beta I(t)$. Infine, gli infetti rimossi fanno conseguentemente aumentare la funzione $R(t)$ per la quale abbiamo così $R'(t) = \beta I$. Insieme alle condizioni iniziali perveniamo allora al seguente sistema

$$\begin{cases} S'(t) = -\alpha S(t) \cdot I(t) \\ I'(t) = \alpha S(t) \cdot I(t) - \beta I(t) \\ R'(t) = \beta I \\ S(0) = S_0; I(0) = I_0; R(0) = 0. \end{cases} \quad (1)$$

Si tratta di un problema di Cauchy del quale si può mostrare l'esistenza e unicità delle soluzioni per tutti i tempi ([2]).

2 Numero riproduttivo di base e dintorni

Prendiamo dunque per buona l'esistenza e unicità della soluzione di (1) e valutiamo alcune caratteristiche come l'andamento delle funzioni I ed S . Alla fine si infetteranno tutti? Cerchiamo di capire innanzitutto se la funzione I sia crescente o meno. Andiamo quindi a studiare il segno della sua derivata. Dalla seconda equazione di (1), ricordato che stiamo trattando con funzioni positive, abbiamo

$$I' = I(\alpha S - \beta) \geq 0 \Leftrightarrow \alpha S - \beta \geq 0 \Leftrightarrow S \geq \frac{\beta}{\alpha}.$$

Dunque, a tal fine è cruciale il comportamento dei suscettibili. In particolare, trattandosi di una funzione decrescente, se i suscettibili iniziali sono $S_0 < \frac{\beta}{\alpha}$, allora per ogni tempo avremo $S(t) \leq S_0 < \frac{\beta}{\alpha}$, producendo così una funzione I sempre decrescente. In altre parole, se i suscettibili sono inizialmente pochi abbastanza,

l'epidemia non scoppia e si estingue da sé. Ha senso allora introdurre il parametro (*numero riproduttivo di base*)

$$\mathcal{R}_0 := S_0 \frac{\alpha}{\beta}. \quad (2)$$

Da quanto detto segue che se $\mathcal{R}_0 < 1$, allora l'epidemia è in fase di remissione e scomparsa. Se invece $\mathcal{R}_0 \geq 1$, ci aspettiamo che gli infetti siano ahimè in crescita. Ma quanto possono crescere? Se esistesse un tempo t^* per cui $S(t^*) \frac{\alpha}{\beta} = 1$, allora avremmo un punto di massimo assoluto per I giacché questa funzione sarebbe strettamente crescente a sinistra di t^* e decrescente alla sua destra. Si tratterebbe del cosiddetto *tempo di picco epidemico*. Per raggiungere un quadro più completo è importante controllare in qualche modo il comportamento asintotico di queste funzioni. Dalla terza equazione di (1), integrando in $[0, t]$ e utilizzando il Teorema fondamentale del calcolo integrale otteniamo

$$R(t) = \int_0^t R'(s) ds = \beta \int_0^t I(s) ds \Rightarrow \int_0^{+\infty} I(t) dt < +\infty$$

giacché la funzione R è limitata. Ma l'area del sottografico di I può mantenersi limitata solo se I diventa infinitesima, ovvero se $I \rightarrow 0$ per $t \rightarrow +\infty$ (in soldoni se la base diventa infinitamente grande l'altezza deve diventare infinitamente piccola). Per sua natura, l'epidemia tende ad estinguersi (asintoticamente) prima o poi. Torniamo al nostro sistema (1) e dividiamo la seconda equazione per la prima ottenendo

$$\begin{aligned} \frac{I'}{S'} &= -1 + \frac{\beta}{\alpha} \cdot \frac{1}{S} \Rightarrow I' = -S' + \frac{\beta}{\alpha} \cdot \frac{S'}{S} = -S' + \left(\frac{\beta}{\alpha} \log S \right)' \Rightarrow \\ \left(I + S - \frac{\beta}{\alpha} \log S \right)' &= 0 \Rightarrow I + S - \frac{\beta}{\alpha} \log S = I_0 + S_0 - \frac{\beta}{\alpha} \log(S_0) \end{aligned} \quad (3)$$

giacché l'unica funzione con derivata nulla su un intervallo è la funzione costante. Passando al limite per $t \rightarrow +\infty$ (ricordando che $I \rightarrow 0$ e che $N = I_0 + S_0$) otteniamo la seguente identità per il comportamento asintotico (S_∞) dei suscettibili

$$S_\infty - \frac{\beta}{\alpha} \log(S_\infty) = N - \frac{\beta}{\alpha} \log(S_0)$$

da cui segue che senz'altro $S_\infty > 0$ giacché il secondo membro è pur sempre una quantità limitata. Abbiamo così scoperto che alla fine non tutti i suscettibili finiscono con l'infettarsi, individuando alla fine la portata complessiva dell'epidemia. Inoltre, tale quota residua è comunque inferiore al rapporto $\frac{\beta}{\alpha}$. Infatti, se così non fosse, trattandosi di una funzione decrescente, avremmo che $S(t) \geq S_\infty \geq \frac{\beta}{\alpha}$ per ogni tempo t , cosa che produrrebbe una funzione I sempre crescente in contrasto con il fatto che $I \rightarrow 0$ a partire da un valore $I_0 > 0$. In altre parole, nel caso in cui $\mathcal{R}_0 > 1$ dev'essere $S_\infty < \frac{\beta}{\alpha} < S_0$. Per il Teorema dei valori intermedi esiste allora un tempo di picco t^* tale che $S(t^*) = \frac{\beta}{\alpha}$. Il numero massimo di infetti si può allora stimare dalla (3)

$$I(t^*) = N - S(t^*) + \frac{\beta}{\alpha} \log \left(\frac{S(t^*)}{S_0} \right) = N - \frac{\beta}{\alpha} (\log \mathcal{R}_0 + 1).$$

Il grafico dell'epidemia è del tipo schematizzato in figura

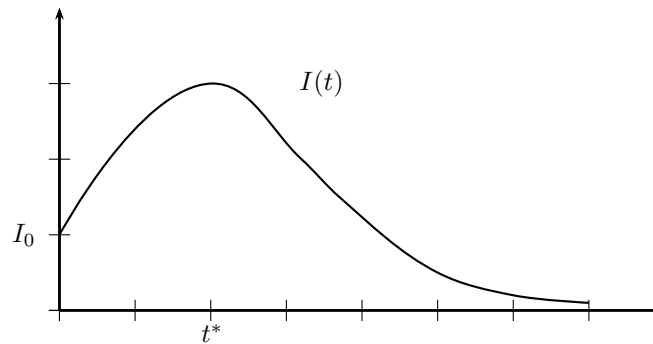


Figura 1: L'andamento di una tipica epidemia

3 Lockdown e misure di contenimento

Durante un'epidemia possiamo scegliere di lasciarla esaurire seguendone il naturale decorso (come qualche *esperto* ha in effetti suggerito di fare) oppure di mettere in atto opportune contromisure per rimodularne in qualche modo l'impatto. Alcuni governi, come quello inglese, sono stati effettivamente tentati di lasciar correre da sé l'epidemia da Covid-19, vista anche l'incertezza che in prima battuta ha riguardato la contagiosità del virus e il decorso effettivo della malattia, in altri termini l'incertezza sulle stime dei parametri α, β e il numero di suscettibili. Nonostante l'incertezza delle informazioni iniziali, anche stime prudenziali sulla base dei modelli matematici hanno convinto tutti (o quasi) i decisori politici a convergere su misure di intervento e di contenimento. Semplicemente ci sarebbero stati troppi malati (e purtroppo troppi morti) in un arco di tempo ristretto col serio rischio di portare al collasso i sistemi sanitari. Del resto, la realtà di scenari così preoccupanti si è potuta toccare con mano in diversi momenti non soltanto in Italia, specialmente nella primavera del 2020, ma anche in molte parti del mondo come Spagna e Usa ad esempio.

In generale, il numero di persone soggette all'epidemia sarà alla fine dato da $N - S_\infty$ e il confronto con i tassi di mortalità e di ospedalizzazione produce rapidamente una stima del prezzo finale che occorre pagare.

Nell'ambito del modello discusso è possibile agire sui parametri α, β . Il primo può essere abbassato ad esempio con misure di distanziamento sociale, mascherine, igiene. Il secondo invece può essere aumentato migliorando le cure, il tracciamento degli infetti e il ricorso alle quarantene. Tra i trattamenti terapeutici, particolarmente efficace sarebbe il ricorso ad un vaccino che ridurrebbe il numero di suscettibili. In mancanza, nei casi più estremi, molti decisori politici hanno optato per un confinamento drastico di tutta la popolazione (o gran parte di essa) tramite i cosiddetti *lockdown*. Effettivamente, come è stato discusso, se la quota di suscettibili è al di sotto della soglia $\frac{\beta}{\alpha}$, allora il numero di infetti decresce costantemente. Questo avviene ad esempio se $S(t) = N - R - I < N - R \leq \frac{\beta}{\alpha}$. Occorre pertanto rimuovere dalla popolazione un numero sufficiente di individui. Nella fattispecie $R \geq N - \frac{\beta}{\alpha}$. Occorre pertanto rimuovere una frazione $F_R = 1 - \frac{\beta}{N\alpha}$ della popolazione totale N .

In termini di numero di riproduzione di base possiamo scrivere

$$F_R = 1 - \frac{S_0}{N} \mathcal{R}_0^{-1} \approx 1 - \mathcal{R}_0^{-1}$$

se $S_0 \approx N$ come in genere accade agli inizi dell'epidemia, specialmente nel caso in cui si tratti di un nuovo patogeno. Stimando il parametro \mathcal{R}_0 è dunque possibile stimare la quota di popolazione che è necessario sottoporre a vaccinazione o a quarantena (per un tempo abbastanza lungo e difficile da precisare) per, nel caso migliore, eradicare la malattia. Quest'ultimo esito è stato effettivamente ottenuto per il vaiolo che l'OMS ha dichiarato eradicato nel 1979. Per il morbillo le autorità sanitarie hanno per esempio stimato un \mathcal{R}_0 di circa 16 che richiede un 94% circa di popolazione da vaccinare. Per il vaiolo invece il valore \mathcal{R}_0 è abbastanza più basso e pari a circa 5, corrispondente ad una quota ben più bassa di popolazione (80% circa). Alla luce dei dati attuali, per il Covid-19 si è infine stimato un \mathcal{R}_0 pari a circa 3 corrispondente ad una frazione di popolazione ancora più bassa (66% circa). Al momento in cui scriviamo non sono ancora disponibili cure efficaci su larga scala, ma le campagne vaccinali avviate mostrano di poter impattare positivamente sulla pandemia abbattendo il numero di decessi e di ospedalizzazioni nelle popolazioni in cui sono state raggiunte quote significative di vaccinazioni. Ad ogni modo, per difenderci da questa e dalle future malattie, la matematica dovrà continuare a fornire un supporto fondamentale, non solo per lo sviluppo e il controllo dei farmaci, ma anche per orientare le nostre decisioni in modo più mirato ed efficace.

Riferimenti bibliografici

- [1] Trasmissione di malattie infettive e diffusione di epidemie su Network: Modelli Matematici, Tesi di Laurea in Biomatemática, Università di Bologna, candidato: S. Andraghetti, A.A 2010-2011. Disponibile su https://amslaurea.unibo.it/3093/1/Andraghetti_Sara_tesi.pdf
- [2] Controllo ottimale di epidemie di tipo SIR mediante vaccinazione. Il caso dell'Ebola in Africa occidentale (2014). Tesi di laurea in Matematica, Università di Pisa. Candidato: E. Scandurra. A.A 2014-2015. Disponibile su <https://people.dm.unipi.it/acquistp/scandurra.pdf>