

De Logistica Aequatione atque Coudica Contagione

Covid for Dummies

Prof. G. Carboni

A.A. 2020-2021

1 Introduzione

L'equazione logistica o equazione di Verhulst è un'equazione differenziale del primo ordine non lineare la cui forma generale è la seguente

$$(1) \quad \frac{dy}{dx} = by \left(1 - \frac{y}{K}\right)$$

L'equazione fu introdotta intorno al 1838 da Pierre François Verhulst come modello per la crescita di una popolazione con risorse limitate. Il limite è definito dalla costante K . Finché $y/K \ll 1$ la crescita di y è esponenziale. Tuttavia al crescere di y il termine in parentesi diminuisce sempre di più determinando un rallentamento del tasso di crescita. Verhulst non spiegò la scelta del termine *logistica* ma si presume che non abbia niente a che vedere col significato che gli diamo oggi.

La soluzione è la seguente

$$(2) \quad y(x) = \frac{K}{2} \left[1 + \tanh\left(\frac{bx}{2}\right) \right]$$

come si può verificare tenendo conto che

$$(3) \quad \frac{dy}{dx} = \frac{Kb}{4 \cosh^2\left(\frac{bx}{2}\right)}$$

e che

$$(4) \quad by \left(1 - \frac{y}{K}\right) = \frac{Kb}{4} (1 + \tanh)\left(\frac{bx}{2}\right) (1 - \tanh)\left(\frac{bx}{2}\right) = \frac{Kb}{4 \cosh^2\left(\frac{bx}{2}\right)}$$

La (2) viene anche spesso scritta nella forma

$$(5) \quad y(x) = \frac{K}{1 + e^{-bx}}$$

che tuttavia non ne esplicita la simmetria intorno allo 0. Si vede sia dalla (2) che dalla (5) che al variare di $-\infty < x < \infty$ y varia da 0 a K .

La (3) ha una caratteristica forma a campana, diversa da quella della gaussiana. Allontanandosi dal centro si vede bene in scala semilog che decresce come $\exp(-\beta|x|)$. La larghezza a metà altezza vale

$$(6) \quad \Gamma = \frac{3.5255}{b}$$

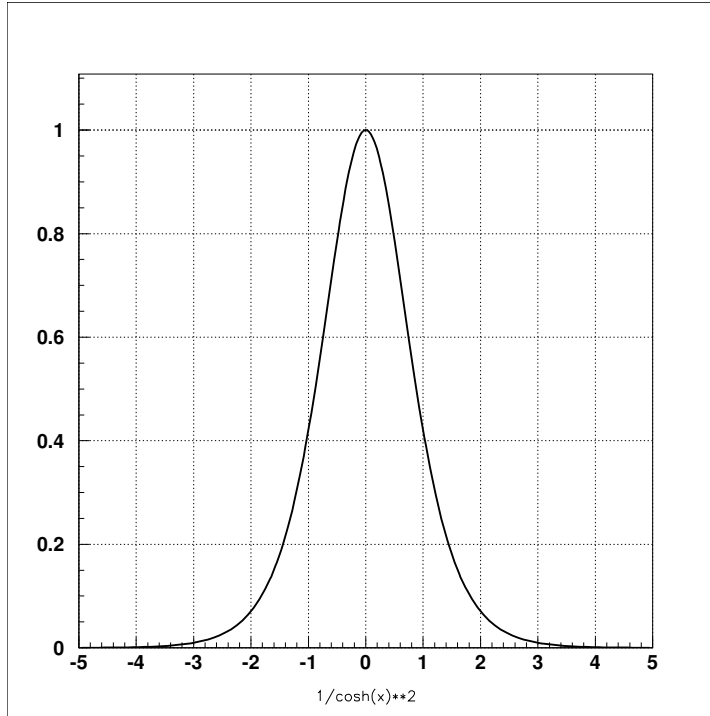


Figura 1 La funzione $f(x) = \text{sech}^2(x) = 1/\cosh^2(x)$. $\int_{-\infty}^{+\infty} f(x)dx = 2$.

Se usiamo la formulazione pratica

$$(7) \quad \frac{dy}{dx} = \frac{A}{\cosh^2(\alpha x)}$$

l'integrale da $-\infty$ a $+\infty$ vale

$$(8) \quad K = \frac{2A}{\alpha} = 1,2289 \Gamma A$$

Applicazioni all'economia La funzione logistica viene applicata spesso anche in campo economico per descrivere come una nuova tecnologia si afferma o come una vecchia viene abbandonata. Lo sviluppo dei canali navigabili nell'Inghilterra dell'800 o nell'URSS, l'introduzione del vapore al posto della vela, la sostituzione delle locomotive a vapore con le Diesel, sono ben descritti da funzioni logistiche. Nella Fig. 2 ad esempio è mostrato come il progresso temporale di 17 innovazioni tecnologiche segue la funzione logistica. Sulla sinistra il grafico di Fisher-Pry (non dei giocattoli Fisher-Price !!) è un modo di valutare la bontà della logistica. Infatti se grafichiamo il rapporto $(y/K)/(1 - y/K)$ in funzione di x per l'Eq.2 otteniamo $\exp(bx)$ ossia una retta in scala semilogaritmica.

2 Infetti e risolti

La Fig. 3 mostra i dati della Toscana durante la seconda ondata alla data del 15/12/2020. Sulla sinistra gli infetti $I(t)$ e a destra la curva cumulativa dei casi risolti $R(t)$.

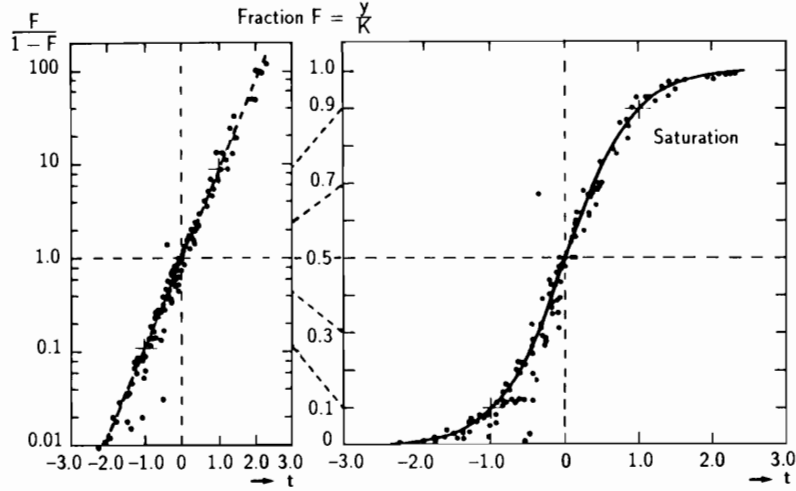


Figure 2.1.1. Life cycle in the introduction of 17 different technological innovations measuring fractional market shares. (Source: adapted from Fisher and Pry, 1971.)

Figura 2 Tratto da R. Gruebler “The rise and fall of infrastructures”.

In generale ogni giorno una frazione $1/\tau$ di di infetti $I(t)$ viene rimossa (guarita o deceduta) e passa a incrementare la categoria $R(t)$ e quindi si può scrivere:

$$(9) \quad \frac{dR(t)}{dt} = \frac{I(t)}{\tau}$$

(questa è una delle tre equazioni del modello SIR). τ rappresenta la durata media della condizione di infetto. Integrando l'equazione si può ottenere quindi $R(t)$:

$$(10) \quad R(t) = \frac{1}{\tau} \int_{-\infty}^t I(t) dt$$

Esaminando la Fig. 3 si nota subito che qualcosa stona: la posizione del picco di $I(t)$ sulla sinistra a $t = 324,1$ non coincide con il centro del tratto rettilineo di $R(t)$ come ci si aspetterebbe dalla Eq. 36, come se $R(t)$ ritardasse rispetto a $I(t)$. Si potrebbero fare varie ipotesi, ad esempio che i dati di $R(t)$ siano elaborati e comunicati in ritardo. Nell'utilizzare l'Eq. (10) cercheremo di tener conto di questo modificandola come segue:

$$(11) \quad R(t = 350) = \frac{1}{\tau} \int_{-\infty}^{t=360} I(t) dt$$

dove abbiamo introdotto un ritardo di 10 gg. Per integrare il secondo membro della Eq. (11) usiamo la funzione logistica con parametri (cf. Fig. 3) $1/\alpha = P_3 = 21,5$ e $A = P_1 = 54.190$ e tramite l'Eq. (2) troviamo

$$(12) \quad \frac{1}{\tau} \int_{-\infty}^{t=360} I(t) dt = \frac{1}{\tau} 2,25 \cdot 10^6$$

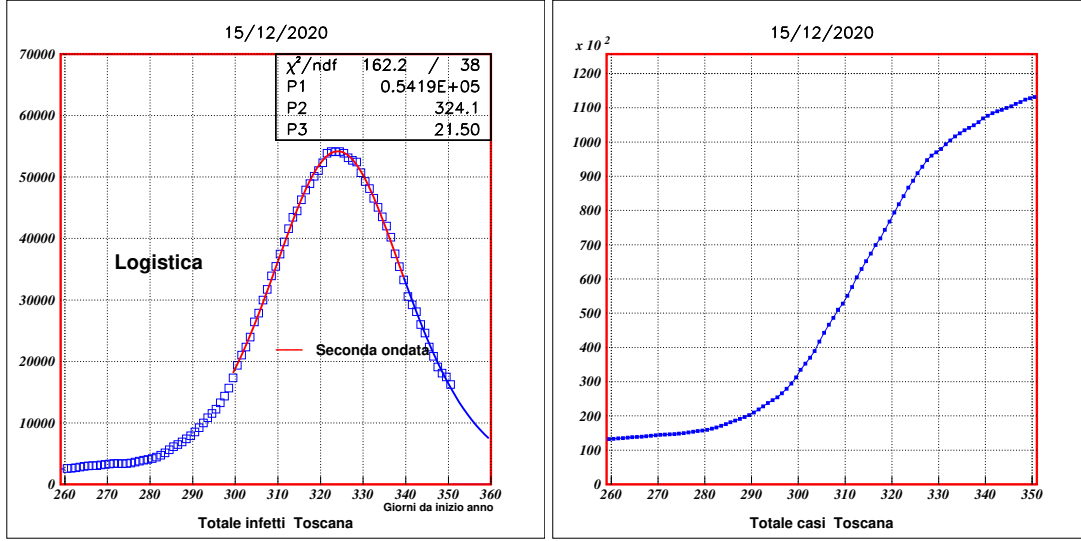


Figura 3 A sinistra: la curva $I(t)$ degli infetti in Toscana fittata con la funzione logistica. A destra: la curva cumulativa $R(t)$ dei casi.

mentre dalla Fig. 3 a destra otteniamo direttamente $R(t = 350) = 1.0 \cdot 10^5$ (abbiamo sottratto un valore di fondo di circa 12.000). Ne segue il risultato

$$(13) \quad \tau \simeq 22 \text{ gg}$$

Se non si volesse utilizzare l'artificio dell'Eq. (11) ignorando il ritardo otterremmo

$$(14) \quad \frac{1}{\tau} \int_{-\infty}^{t=350} I(t) dt = \frac{1}{\tau} 2,138 \cdot 10^6$$

con

$$(15) \quad \tau \simeq 21 \text{ gg}$$

quindi poco diverso dal precedente.

L'esercizio può essere ripetuto per altre regioni. Per la Lombardia (Fig. 4) il ritardo sembra anche qui presente, forse leggermente minore che per la Toscana. Ignorando il ritardo otteniamo con lo stesso metodo della Toscana

$$(16) \quad \begin{aligned} \tau &\simeq 18 \text{ gg} \\ \tau' &\simeq 12 \text{ gg} \end{aligned}$$

dove il secondo valore è stato ottenuto considerando i casi fino a $t = 324,6$, ossia fino al picco. I valori di τ sono quindi affetti da una notevole incertezza anche fra regioni, ma anche si discostano enormemente dal valore comunemente accettato di $\tau \simeq 9$ gg.

3 Il modello SIR

Il modello SIR (Suscettibili, Infetti e Risolti) è il più semplice modello matematico per descrivere un'epidemia. Si tratta di un modello *compartimentale*, che suddivide appunto la popolazione in compartimenti comunicanti fra loro. I compartimenti sono tre a cui corrispondono tre

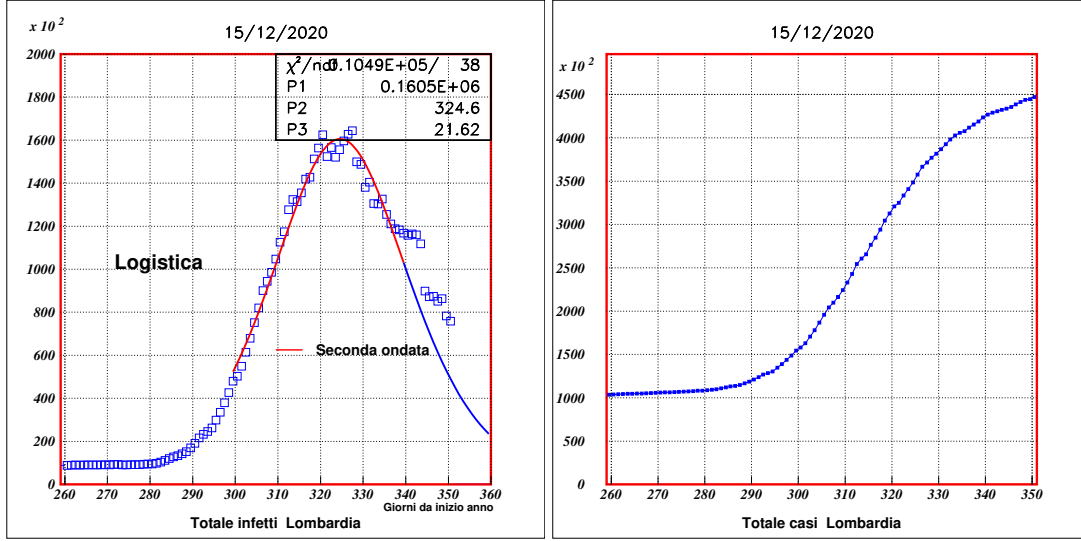


Figura 4 A sinistra: la curva $I(t)$ degli infetti in Lombardia fittata con la funzione logistica. A destra: la curva cumulativa $R(t)$ dei casi.

variabili, S , I e R . Abbiamo già incontrato le ultime due. La variabile $S(t)$ rappresenta il serbatoio di soggetti suscettibili di infezione. Data una popolazione di N soggetti (consideriamo soggetti anche i morti dell'epidemia) e se trascuriamo i morti naturali, vale evidentemente la relazione

$$(17) \quad N = S(t) + I(t) + R(t)$$

Dopo la (36) occorre ora scrivere l'equazione che regola la crescita degli infetti. Se non vi fosse il contributo attivo del contagio la popolazione degli infetti decadrebbe esponenzialmente con la costante di tempo τ . La possibilità di contagio introduce un termine *forzante* che sarà proporzionale al numero degli infetti e al numero di quelli suscettibili di infezione. Quindi l'equazione avrà la forma

$$(18) \quad \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \frac{I(t)}{\tau}$$

Il primo termine a destra rappresenta quindi il numero di nuovi casi giornalieri. β è la probabilità giornaliera che un infetto incroci una persona contagiabile (con probabilità S/N) e le trasmetta il contagio.

Possiamo mettere l'Eq. 18 sotto la forma:

$$(19) \quad \frac{dI}{dt} = \frac{1}{\tau} (\beta \tau \frac{S}{N} - 1) I$$

Dalla (19) vediamo che I cresce fintanto che il termine in parentesi è positivo. Se come ci si aspetta all'inizio del contagio tutta la popolazione è infettibile ($S(0) = N$) l'epidemia può svilupparsi solo se $\beta \tau > 1$. Definendo il coefficiente di riproduzione iniziale

$$(20) \quad \mathcal{R}_0 = \beta \tau$$

questo avviene se $\mathcal{R}_0 > 1$. Si noti che $\mathcal{R}_0$ dipende sia dalle caratteristiche del virus che dalle modalità di interazione fra le persone ed è quindi molto difficile da misurare. Per il Covid ci sono stime molto grossolane. Secondo alcuni studi $2 < \mathcal{R}_0 < 3$, secondo altri $1,4 < \mathcal{R}_0 < 4$. Vedi Fig. 5. Non appena si interviene con misure di contenimento $\mathcal{R}_0$ si abbassa.

Table 1. R_0 values for SARS-CoV-2 assessed analyzing data derived from the early phase of the outbreak in the 9 Italian cities reporting the largest number of cases. Data refer to the interval between February 25 and March 12, 2020. A comparison with recently published R_0 values is also reported.

City	Population	R_0	r^2
Bergamo	122,161	2.52	0.98
Lodi	45,872	3.09	0.91
Cremona	72,680	2.93	0.94
Brescia	198,536	2.61	0.85
Piacenza	103,942	2.76	0.90
Milano	1,389,834	2.70	0.91
Pavia	73,195	2.43	0.91
Parma	197,499	2.46	0.99
Italy	60,483,973	3.10	0.99

Figura 5 R_0 a marzo 2020 in Italia. <https://doi.org/10.1016/j.bsheal.2020.03.004>.

Rt e la sua interpretazione Con l'evolvere dell'epidemia S diminuisce e si può introdurre la variabile

$$(21) \quad \mathcal{R}_t = \beta \tau S / N$$

cosicché l'Eq.(19) prende la forma

$$(22) \quad \frac{dI}{dt} = \frac{1}{\tau} (\mathcal{R}_t - 1) I$$

La crescita corrisponderà a $\mathcal{R}_t > 1$. Si deve osservare che $\mathcal{R}_t$ non è un parametro ma una variabile definita tramite S , dipendente dal tempo. Nonostante l'alone di mistero in cui è avvolto $\mathcal{R}_t$ non fornisce alcuna informazione in più della curva dI/dt ovvero della crescita o decrescita della curva degli infetti. Si fa presente poi che anche nell'evoluzione di un'epidemia incontrollata a un certo punto $\mathcal{R}_t$ è destinato a divenire minore di 1.

Vedi anche: https://www.epidata.it/Italia/stime_Rt.html

Se la crescita o la decrescita del numero di infetti segue, anche localmente, un' esponenziale con pendenza γ allora $\mathcal{R}_t$ è dato da

$$(23) \quad \mathcal{R}_t = 1 + \tau \gamma$$

dove si vede che $\mathcal{R}_t$ e γ sono strettamente legati.

La Fig. 6 mostra la decrescita dei decessi della prima ondata dell'epidemia in Italia dal 29 marzo al 7 agosto 2020. I decessi essendo proporzionali agli infetti la curva può essere usata per calcolare $\mathcal{R}_t$. Per $\gamma = -0,04474$ (vedi figura) e $\tau = 9$ giorni si ottiene $\mathcal{R}_t = 0,60$. È rimarchevole che $\mathcal{R}_t$ si sia mantenuto pressoché costante per tre mesi.

La Fig. 7 mostra la curva di I all'inizio della seconda ondata a ottobre 2020 per Toscana e Lombardia. Da qui è possibile determinare $\mathcal{R}_t$. Infatti detta γ la pendenza $\mathcal{R}_t = 1 + \tau \gamma$. Usando i valori di τ precedenti abbiamo: $\mathcal{R}_t = 2,6$ per la Toscana e $\mathcal{R}_t = 2,67 - 2,11$ per la

Lombardia. Se assumessimo il canonico $\tau = 9$ avremmo rispettivamente 1,68 e 1,84. Il sito Epidata.it riporta per la Toscana $\mathcal{R}_t \approx 1,8$ e per la Lombardia $\mathcal{R}_t \approx 2.2$ intorno al 15 ottobre. Si deve tuttavia notare che l'ISS calcola $\mathcal{R}_t$ utilizzando solo i tamponi fatti ai sintomatici per mettersi al riparo da variazioni sul criterio con cui vengono fatti i tamponi.

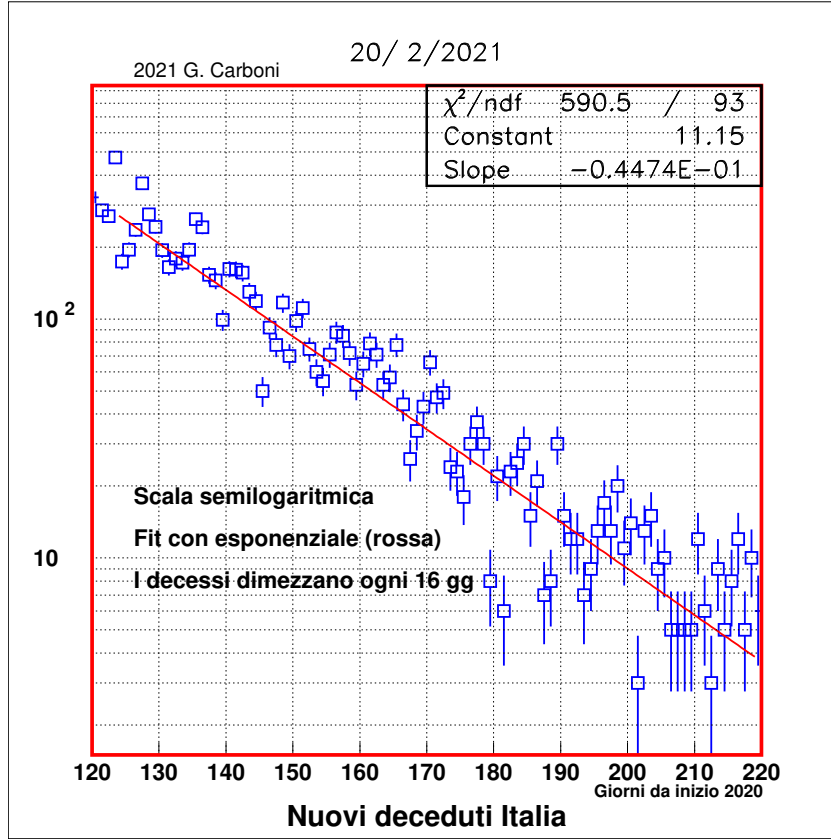


Figura 6 Andamento dei decessi alla fine della prima ondata dell' epidemia in Italia. La linea rossa è un fit con un' esponenziale decrescente con la pendenza indicata.

$\mathcal{R}_t$ e $\mathcal{R}_0$ sono suscettibili di una semplice interpretazione numerica. Se discretizziamo il tempo in multipli di τ : $t = k\tau$ l'incremento di infetti passando da k a $k+1$ è dato da $I_{k+1} - I_k = (\mathcal{R}_t - 1)I_k$ per cui

$$(24) \quad I_{k+1} = \mathcal{R}_t I_k$$

ossia gli infetti crescono o calano in progressione geometrica di ragione $\mathcal{R}_t$. L'Eq.(24) ci dice che $\mathcal{R}_t$ è il numero di persone che vengono contagiate da un infetto nel ciclo base τ . Alla fine del ciclo base per definizione la persona infetta cessa di esserlo e restano le $\mathcal{R}_t$ persone che lui ha contagiato. Se $\mathcal{R}_t < 1$ l'epidemia si smorza. Per esempio, se $\mathcal{R}_t = 2$ il numero di infetti raddoppia ogni τ giorni. Se $\mathcal{R}_t = 0,6$ e $\tau = 9$, dopo 27 giorni (3τ) il numero di contagiati si riduce a $0,6^3 = 0,216$ di quelli iniziali.

L'Eq.(24) permette di ottenere $\mathcal{R}_t$ dai dati numerici in maniera molto semplice

$$(25) \quad \mathcal{R}_t = \frac{I_{k+1}}{I_k} = \frac{I_k}{I_{k-1}}$$

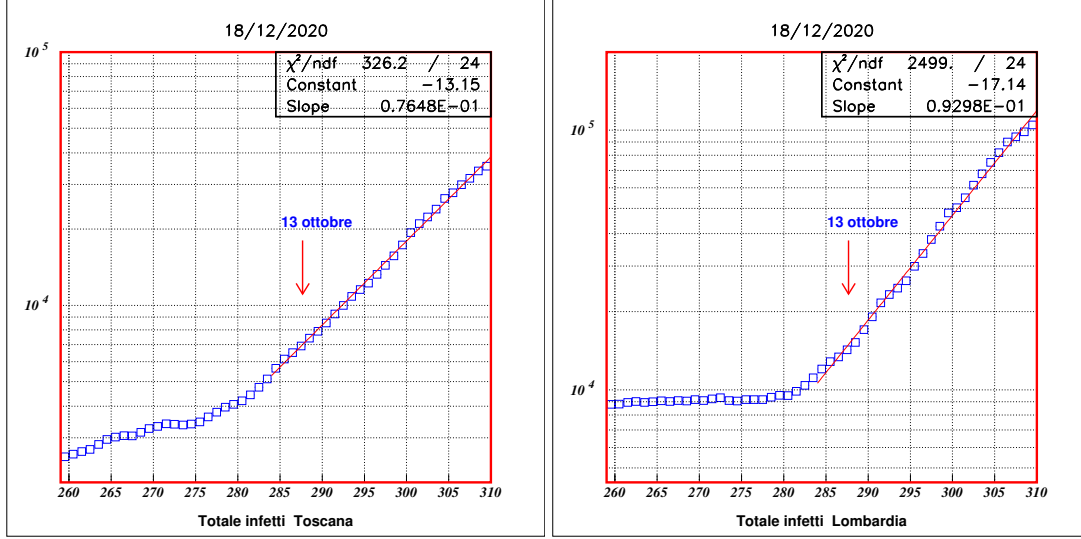


Figura 7 Evoluzione iniziale della seconda ondata in ottobre 2020. A sinistra la Toscana, a destra la Lombardia. Le altre regioni mostrano un andamento simile con variazioni nella pendenza, che va dal massimo per la Lombardia al minimo (0,042) per la Sardegna. Per l'Italia a pendenza è 0,075.

L'immunità di gregge La cosiddetta *immunità di gregge* viene raggiunta per $\mathcal{R}_t = 1$. Questo implica quindi che

$$(26) \quad \frac{S}{N} = \frac{1}{\mathcal{R}_0}$$

Pertanto, se $\mathcal{R}_0 = 2,5$, l'immunità di gregge implica che $S/N = 0,4$ e che quindi asintoticamente $R/N = 0,6$, ossia il 60% della popolazione deve infettarsi.

La condizione $\mathcal{R}_t = 1$ è una condizione di equilibrio. Se β non viene toccato si tratta di un equilibrio instabile. Infatti appena una nuova persona viene infettata S decresce di una unità e quindi $\mathcal{R}_t < 1$. Una volta raggiunto l'equilibrio il sistema evolve quindi spontaneamente verso l'estinzione dell'epidemia. Le misure di prevenzione agiscono su due aspetti: diminuire β (mascherine, gel, lavaggio delle mani) e diminuire S (misure di confinamento). Tuttavia nel momento che queste misure cessano di essere applicate $\mathcal{R}_t$ risale e può innescare di nuovo l'epidemia.

La prima equazione del modello SIR definisce il decremento di S . Dato che per ogni persona contagiata S diminuisce di 1 possiamo scrivere

$$(27) \quad \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$$

quindi il tasso di decrescita dei suscettibili è semplicemente il tasso di nuovi infetti cambiato di segno.

In definitiva il modello SIR è riassunto in questo sistema di equazioni

$$(28) \quad \begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \frac{I}{\tau} \\ \frac{dR}{dt} &= \frac{I}{\tau} \end{aligned}$$

da cui si vede subito sommando le tre equazioni che $N = S + I + R$.

Mentre il sistema (28) una volta fissato N dipende dai due parametri β, τ è possibile dargli una forma normalizzata misurando il tempo in unità di τ . Introducendo $x = t/\tau$ il sistema diventa dipendente solo da $\mathcal{R}_0$:

$$(29) \quad \begin{aligned} a) \quad & \frac{dS}{dx} = -\mathcal{R}_0 \frac{SI}{N} \\ b) \quad & \frac{dI}{dx} = \mathcal{R}_0 \frac{SI}{N} - I \\ c) \quad & \frac{dR}{dx} = I \end{aligned}$$

Notiamo ancora che se S, I, R sono soluzioni del sistema (29) per un dato N allora $\alpha S, \alpha I, \alpha R$ sono le soluzioni per $N \rightarrow \alpha N$. Pertanto senza perdere generalità possiamo assumere $N = 1$ e l'unico parametro rimane $\mathcal{R}_0$.

Lo spazio delle fasi Il sistema (29) ammette due leggi di conservazione: la prima è la (17) $S + I + R = 1$, la seconda si ricava combinando le Eq. (29a) e (29c) ottenendo:

$$(30) \quad \frac{1}{\mathcal{R}_0} \ln \frac{S(t)}{S_0} - S(t) + 1 - \mathcal{R}_0 = I(t)$$

L'Eq. (30) contiene moltissima informazione per capire come funziona il modello SIR senza necessità di conoscere le soluzioni numeriche del sistema.

La Fig. 8 mostra nello *spazio delle fasi* (il piano (S, I)) come evolve l'epidemia per differenti valori di $\mathcal{R}_0$. I valori di S, I, R sono normalizzati alla popolazione N per cui variano fra 0 e 1. Fissato un valore di $\mathcal{R}_0$ l'epidemia evolve muovendosi sulla traiettoria corrispondente da destra verso sinistra. Sull'asse delle ordinate si legge il valore di I che cresce fino a un massimo e poi decresce. L'immunità di gregge viene raggiunta quando $S = 1/\mathcal{R}_0$ (vedi sopra). Un intervento esterno che abbassi $\mathcal{R}_0$ ha come effetto il provocare una transizione a un'altra traiettoria.

La Fig. 8 mette in luce una prima seria difficoltà del modello SIR. Per $\mathcal{R}_0 = 1,2$ il picco degli infetti vale $I^* = 0,013$. In Toscana, con $N = 3,77 \cdot 10^6$, questo significa 49.000 persone, che è in discreto accordo col valore osservato di 54.000 per la seconda ondata. Per questo valore di I^* otteniamo dal grafico $S^* = 0,83$ ossia $S^* = 0,83 \cdot 3,77 \cdot 10^6$. Pertanto $R^* = 3,77 \cdot 10^6 (1 - 0,83 - 0,013) \simeq 591.000$ mentre la Fig. 3 a destra mostra che i risolti a tale data erano appena 90.000. Diminuire $\mathcal{R}_0$ non serve.

Perché l'equazione logistica? Il fatto che gli andamenti di I e R (cf. le Fig. 3 e 4) siano ben rappresentati da funzioni logistiche non è casuale. Se teniamo conto delle due relazioni (17) e (30) possiamo ridurre il sistema (29) a una sola equazione per R . Nell'ipotesi semplificativa che $\mathcal{R}_0 R \ll 1$ si dimostra che questa equazione si riduce all'equazione logistica (1)

$$(31) \quad \begin{aligned} \frac{dR}{dx} &= (\mathcal{R}_0 - 1) R \left(1 - \frac{R}{K} \right) \\ K &= \frac{2(\mathcal{R}_0 - 1)}{\mathcal{R}_0^2} \end{aligned}$$

e quindi R ha la forma dell' Eq. (2) e I dell' Eq. (3).

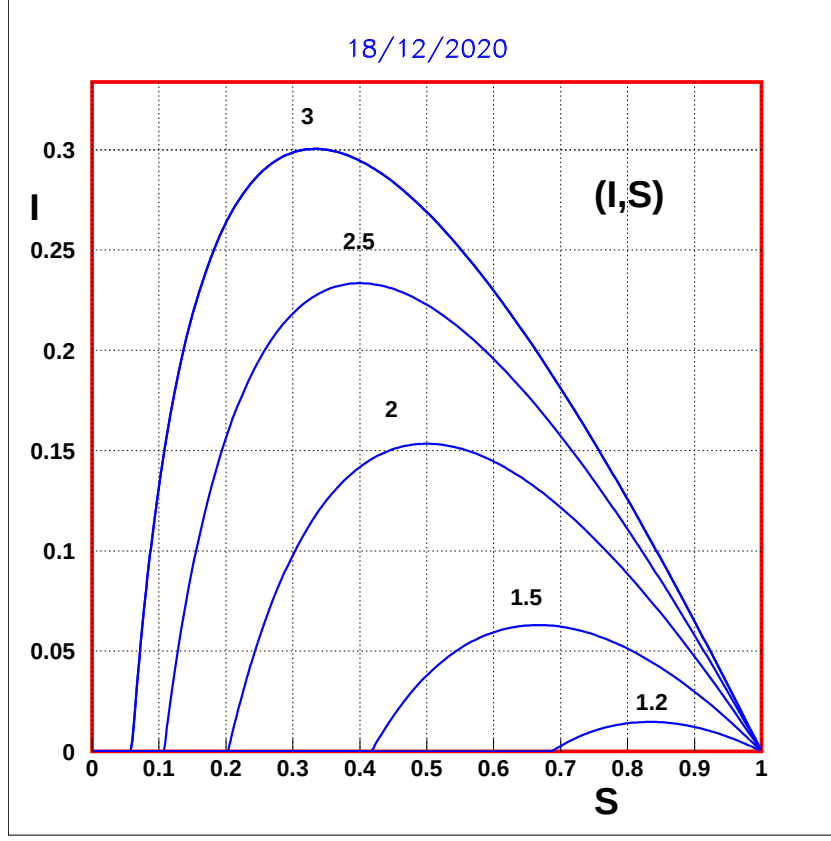


Figura 8 Traiettorie dell'epidemia nel piano (S, I) per diversi valori di $\mathcal{R}_0$ (indicati accanto a ciascuna curva).

Mini epidemie Se $\mathcal{R}_0 - 1$ o $\mathcal{R}_t - 1 \ll 1$ abbiamo una mini epidemia. In tal caso le variabili S, I, R si discostano poco dai valori iniziali. Se poniamo $S(t) = S_0 - \Delta S, I(t) = I_0 + \Delta I$ (con $\Delta S > 0, \Delta I > 0$) nell'Eq. (30) e sviluppiamo il logaritmo fino al secondo ordine in $\Delta S/S_0$ otteniamo per la variazione (diminuzione) del numero dei suscettibili

$$(32) \quad \frac{\Delta S}{S_0} = 2(\mathcal{R}_0 S_0 - 1) = 2(\mathcal{R}_t - 1)$$

mentre il picco degli infetti si registra a metà di tale variazione e vale

$$(33) \quad \Delta I = \frac{(\mathcal{R}_0 S_0 - 1)^2}{2\mathcal{R}_0}$$

In una situazione in cui le misure di contenimento dell'epidemia non sono abbastanza energiche per portare $\mathcal{R}_t$ ben al disotto di 1 ma si “insegue” il contagio cercando di mantenersi intorno a $\mathcal{R}_t \approx 1$, come sta accadendo in Italia dopo il picco di infezioni della seconda ondata, si ha un'evoluzione a mini epidemie con picchi di infezione ridotti ma che alla fine non cambia sostanzialmente il numero totale di contagiati alla fine.

4 Il modello SIR in pratica

Degli infetti L'Eq.(22) permette in linea di principio di calcolare $\mathcal{R}_t$:

$$(34) \quad \frac{\tau}{I} \frac{dI}{dt} = \mathcal{R}_t - 1$$

Come si è detto, la Protezione Civile fornisce giornalmente il numero degli infetti (i cosiddetti attualmente positivi), ma questo numero non può essere utilizzato per calcolare $\mathcal{R}_t$. Infatti nell'Eq. (34) $I(t)$ sono gli infetti in grado di trasmettere il contagio. Se isoliamo un infetto a un certo istante t questi da quell'istante non è più in grado di contagiare e deve essere rimosso dal numero degli infetti. Per definizione nel Modello SIR τ è il tempo medio in cui si è trovato in quello stato. Invece per le autorità sanitarie rimarrà nella lista un tempo τ' fino alla completa guarigione o al decesso, con in generale $\tau' > \tau$.

Si veda ad esempio il caso della Sardegna, in cui gli infetti ufficiali sono stabili intorno a 13.000 da un mese circa (giorni 420-450) Fig. 9).

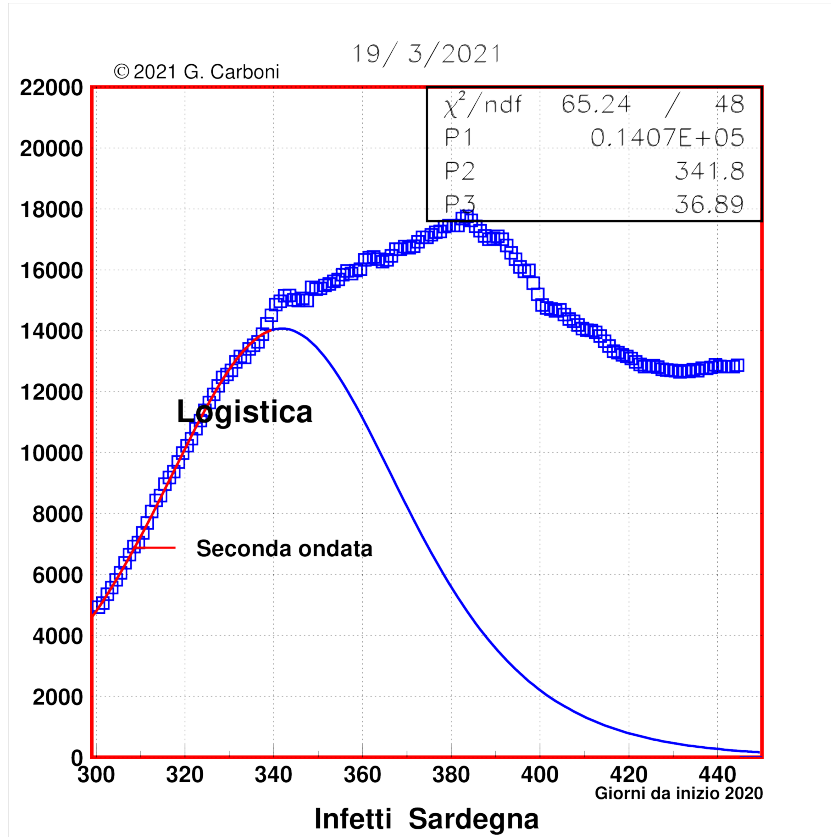


Figura 9 Infetti (attualmente positivi) in Sardegna (dati della Protezione Civile).

A infetti circa costanti il loro numero dev'essere uguale al numero dei nuovi casi giornalieri moltiplicato per τ . La Fig. 10 mostra che i nuovi positivi fra i giorni 420 e 450 non sono costanti e sono stati al massimo 100 al giorno. Dividendo 13.000 per 100 avremmo $\tau = 130$ giorni che non ha senso, o meglio, un malato anche se non più contagioso in Sardegna resta ufficialmente malato per 130 giorni.

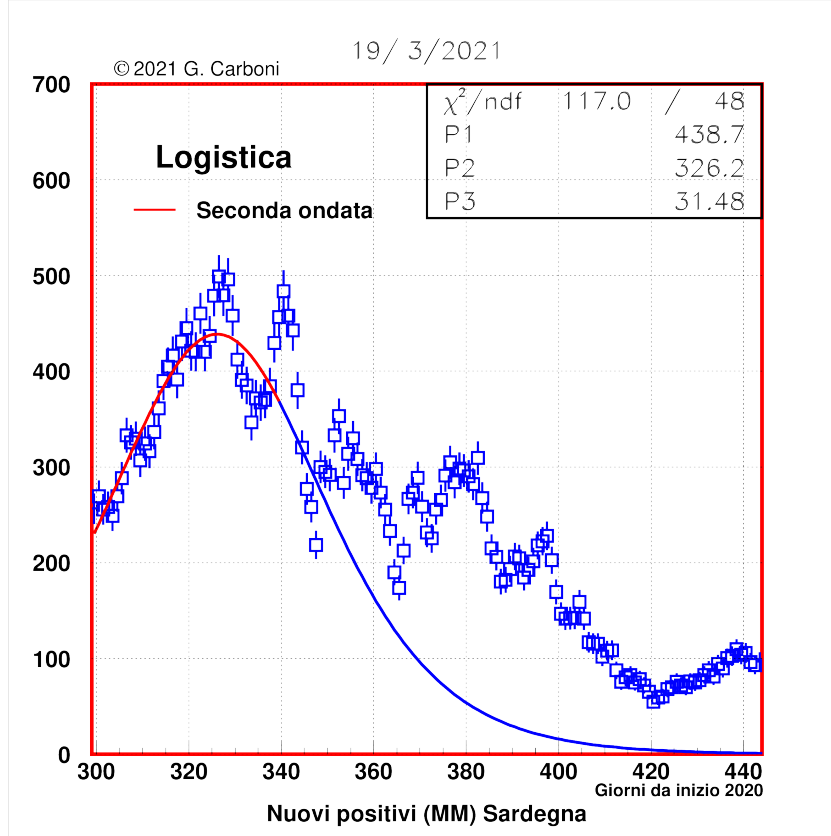


Figura 10 Nuovi casi giornalieri in Sardegna (dati della Protezione Civile).

La conclusione è che il numero di infetti ufficiale non serve a calcolare $\mathcal{R}_t$ e quindi occorre ottenerlo per un'altra via.

Introduciamo un nuovo simbolo per indicare il numero di nuovi casi giornalieri:

$$(35) \quad j = \beta \frac{SI}{N}$$

j può essere ricavato direttamente dai dati se questi sono abbastanza affidabili. Utilizzando l'Eq. (18) possiamo scrivere

$$(36) \quad \frac{dI}{dt} + \frac{I(t)}{\tau} = j$$

la cui soluzione è

$$(37) \quad I(t) = \int_0^t e^{-\frac{(t-t')}{\tau}} j(t') dt'$$

L'Eq. (37) ci permette di calcolare $\mathcal{R}_t$ e di stimare il numero dei decessi una volta nota la letalità o viceversa di stimare la letalità confrontando il numero dei decessi predetti con quelli reali.

La Fig. 11 confronta il numero degli infetti calcolato con l' Eq. (37) e quello comunicato dalla Protezione Civile. Si nota che in Lombardia e Toscana le curve differiscono in prima

approssimazione per un fattore di scala circa $2,5 - 3$, per lo meno dopo il giorno 250. Questo fattore di scala è in sostanza il rapporto τ'/τ . Avendo usato nella (37) $\tau = 9$ per calcolare il grafico in blu vediamo che un infetto rimane ufficialmente tale per $\tau' = 22 - 27$ giorni, come osservato nel paragrafo 2 *Infetti e risolti*. Per la Sardegna invece non c'è una relazione semplice fra le due curve, ma se si vuole ancora parlare di fattore di scala esso era circa 15 intorno al giorno 425, che significa un tempo di infezione 'amministrativo' $\tau' \simeq 135$ giorni come discusso sopra.

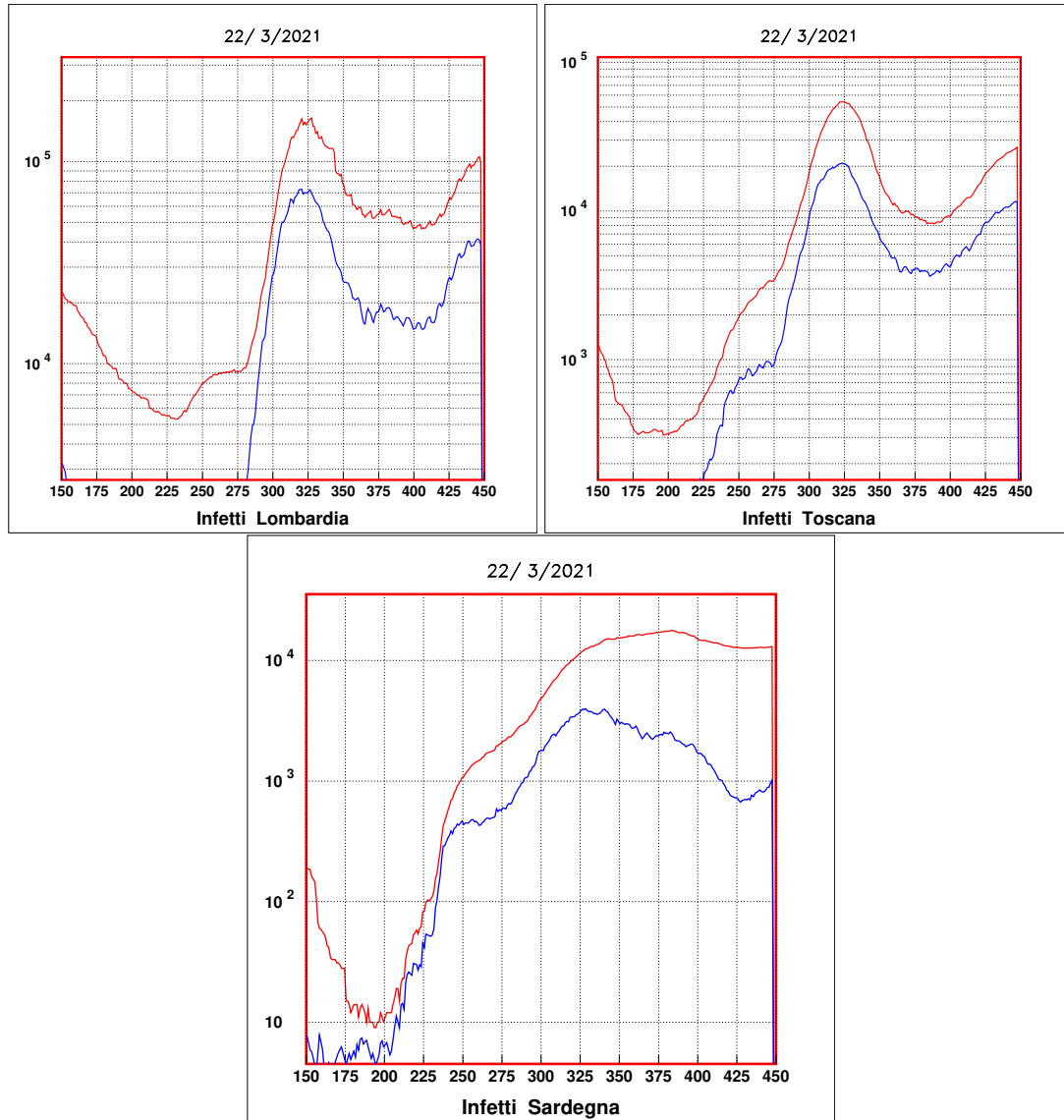


Figura 11 Confronto fra gli infetti ufficiali (in rosso) e quelli calcolati usando l'Eq. (37) (in blu) per tre regioni. Mentre per Lombardia e Toscana le curve sono simili a meno di un fattore di scala, per la Sardegna è evidente una sensibile differenza.

Dell' $\mathcal{R}_t$ $\mathcal{R}_t$ può essere ottenuto da un fit della curva degli infetti se l'andamento si mantiene approssimativamente esponenziale oppure usando l' Eq. (25) dividendo il numero di infetti al giorno t per il numero degli infetti al giorno $t - \tau$.

Il Robert Koch Institut (RKI) usa $\tau = 4$ e prima di effettuare la divisione calcola una media degli infetti sui 4 o sui 7 giorni precedenti ottenendo $\mathcal{R}_{t4}$ o $\mathcal{R}_{t7}$. La differenza fra i due valori è che le fluttuazioni statistiche sono fortemente ridotte in $\mathcal{R}_{t7}$.

$$(38) \quad \mathcal{R}_{t7} = \frac{\sum_{k=t-6}^t I_k}{\sum_{k=t-6}^t I_{k-4}}$$

Il RKI evidentemente ritiene che $\tau = 4$ gg sia il valore più appropriato per la Germania. Dato che in Italia sembra più realistico utilizzare un valore di τ intorno a 8 – 9 giorni possiamo trasformare l' $\mathcal{R}_t$ calcolato con la (38) a $\mathcal{R}_t'$ per un altro valore τ' tramite

$$(39) \quad \mathcal{R}_t' = \mathcal{R}_t^m \quad m = \frac{\tau'}{\tau}$$

Dei decessi La terza equazione del modello SIR, Eq. (28), permette di calcolare il numero di casi risolti, R , conoscendo τ . Una frazione ε di R si risolve in un decesso, se interpretiamo ε come la letalità della malattia, quindi il numero di nuovi decessi giornalieri è dato da:

$$(40) \quad \frac{dM}{dt} = \frac{\varepsilon}{\tau} I$$

E' da notare che, se usiamo I ricavato dall'Eq.(37), il rapporto I/τ si può scrivere

$$(41) \quad \frac{I}{\tau} = \frac{\int_0^t e^{-\frac{(t-t')}{\tau}} J(t') dt'}{\int_0^\infty e^{-\frac{t'}{\tau}} dt'}$$

ossia I/τ è l'integrale al numeratore nell'Eq. (41) normalizzato, ed è quindi poco dipendente dal valore esatto di τ , diventando indipendente nel caso che $J(t')$ sia costante. Se l'Eq. (40) viene usata per stimare ε questo ci assicura che il risultato dipende poco da τ , il che è confortante.