POLITECNICO DI TORINO

Corso di Laurea Magistrale in Ingegneria Matematica

Tesi di Laurea Magistrale

Modellizzazione della diffusione di una malattia infettiva mediante equazioni cinetiche per metapopolazioni



Relatori Ch.mo Prof. Andrea Tosin Dott.ssa Nadia Loy Candidata Serena Russo matr. s264692

Anno Accademico 2020-2021

Sommario

Nel presente lavoro di tesi viene illustrata un'applicazione della teoria cinetica per i sistemi multi-agente in campo epidemiologico. La trattazione è sviluppata a partire da equazioni cinetiche di tipo Boltzmann per un sistema multi-agente che non conserva la massa. Ogni agente è identificato attraverso uno stato microscopico, quale la sua carica virale, ed una coppia di etichette. La prima componente dell'etichetta si riferisce allo stato epidemico, ed in particolare gli agenti sono discriminati in quelli a cui non è stata diagnosticata l'infezione e dunque liberi di interagire ed in quelli diagnosticati infetti e posti in quarantena. La seconda componente dell'etichetta invece, discrimina la popolazione in categorie sociali, ed in particolare si esamina il caso in cui la popolazione viene suddivisa in 3 classi per fascia d'età. Durante la dinamica di infezione, ciascun agente può cambiare stato epidemico secondo un processo di Markov, in cui si assume che le probabilità di transizione dipendono dallo stato microscopico, che a sua volta si aggiorna a seguito di ogni interazione binaria con un altro agente del sistema. Infine, i diversi gruppi sociali sono stati immaginati come organizzati su una rete di contatti, e la diversa probabilità di incontro in funzione della fascia d'età di appartenenza si concretizza nella frequenza di interazione.

L'elaborato è organizzato in quattro capitoli. Nel primo capitolo si descrivono brevemente alcune teorie matematiche adottate in campo epidemiologico, mettendo in luce le differenze dal punto di vista modellistico matematico. Nel secondo capitolo è presente una breve trattazione della teoria cinetica classica di tipo Boltzmann per i sistemi multi-agente, punto di partenza per lo sviluppo del presente lavoro. Nel terzo capitolo è presentato e discusso analiticamente il modello matematico sviluppato, con particolare riferimento alla descrizione della dinamica di contagio di una malattia infettiva. Nel quarto capitolo si presentano e discutono i risultati delle simulazioni numeriche, ottenuti attraverso lo sviluppo di un codice numerico in MATLAB allegato in appendice. Nella sezione conclusiva si riassumono i principali risultati ottenuti e si presentano alcune ipotesi di ricerche future.

Indice

1	\mathbf{Epi}	demio	logia matematica	1	
	1.1	Mode	lli compartimentali deterministici e stocastici	1	
	1.2	Mode	lli con struttura	3	
	1.3	Model	lli su rete	4	
	1.4	Model	lli cinetici	4	
2	Teo	Teoria cinetica di tipo Boltzmann per i sistemi multi-agente			
	2.1	Deduz	zione dell'equazione di tipo Boltzmann	8	
		2.1.1	Osservabili macroscopiche di interesse	11	
		2.1.2	Forma forte dell'equazione di Boltzmann	13	
	2.2	Limite	e delle interazioni quasi-invarianti ed equazione di Fokker-Planck $% {\mathbb{R}}$.	14	
	2.3	Algoritmo di tipo Monte Carlo per l'approssimazione numerica dell'e-			
		quazio	one di tipo Boltzmann	16	
3	Mo	Modello matematico			
	3.1	Dinan	nica cinetica di interazione e cambio di etichetta $\ldots \ldots \ldots \ldots$	18	
		3.1.1	Dinamica di interazione binaria	19	
		3.1.2	Dinamica di cambio di etichetta	20	
		3.1.3	Dinamica di interazione binaria e cambio di etichetta	21	
		3.1.4	Casi particolari	25	
	3.2	2 Modello di contagio di una malattia infettiva			
		3.2.1	Probabilità di transizione costanti e dinamiche su stessa scala		
			temporale	30	
		3.2.2	Probabilità di transizione non costanti, dinamica su due scale		
			temporali diverse e regime idrodinamico	35	
4	Simulazioni numeriche			45	
	4.1	4.1 Condizioni iniziali		45	
	4.2	2 Risultati		46	
5	Cor	onclusioni 5		54	

A Algoritmi	57
Bibliografia	61

Capitolo 1

Epidemiologia matematica

L'epidemiologia è la disciplina biomedica che studia le modalità d'insorgenza, la diffusione, la frequenza e la distribuzione delle malattie e/o eventi di rilevanza sanitaria nella popolazione e ne indaga le cause e/o i fattori che ne modificano l'evoluzione in rapporto alle condizioni dell'organismo, dell'ambiente e della popolazione.

La parola "epidemiologia" deriva dai termini greci *epi*, che significa "su", *demos*, che significa "popolo", e *loghi*, che significa "studio". Ed è proprio dall'etimologia della parola che si può affermare che tale disciplina si applica al solo genere umano.

E' tuttavia noto che lo studio di tali fenomeni naturali è molto complesso, considerando sopratutto che le condizioni di sperimentazione sono difficili da controllare e replicare. E' proprio qui che interviene la modellizzazione matematica, fornendo un linguaggio per descrivere e meglio comprendere tali fenomeni, insieme a strumenti in grado di fornire previsioni mediante la simulazione di possibili scenari la cui sperimentazione in laboratorio richiederebbe troppo in termini di tempo e costo, non assicurando un risultato.

La prima trattazione teorica sulla diffusione delle epidemie risale al 1760, ed è dovuta a Daniel Bernoulli, che studiò il problema della diffusione del vaiolo e i vantaggi di una vaccinazione preventiva [5].

Gran parte della teoria di base è stata poi sviluppata nel XX secolo, e da quel momento in poi tale disciplina ha subito un graduale e costante progresso.

Nelle sezioni successive verranno citati alcuni dei più noti modelli epidemiologici in letteratura, mettendo principalmente in luce le differenze dal punto di vista modellistico matematico.

1.1 Modelli compartimentali deterministici e stocastici

La maggior parte dei modelli epidemiologici sono basati sulla divisione della popolazione in esame in compartimenti, ciascuno contenente individui identici in termini del loro stato rispetto alla malattia in questione.

Il padre di tali modelli è il noto modello SIR, pubblicato nel 1927 da W. O. Kermack e A. G. McKendrick [25], in cui la popolazione viene divisa in 3 classi o compartimenti:

- S: Suscettibili, cioè i sani che possono essere infettati dalla malattia;
- I: Infetti, cioè coloro che hanno contratto la malattia e possono trasmetterla;
- R: Rimossi, ossia coloro che, dopo essere stati malati, non sono più infetti perché guariti e immunizzati, e conseguentemente non influiscono sulle dinamiche di trasmissione dell'infezione.

Il numero di individui in ogni classe cambia nel tempo, dunque S(t), $I(t) \in R(t)$ sono funzioni del tempo. Si assume che la popolazione è omogenea, isolata e la numerosità totale è costante nel tempo:

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

Inoltre non vi è incubazione per il morbo, dunque il contagio e l'eventuale immunità sono istantanei, tutti gli individui infetti sono ugualmente contagiosi, cioè l'infettività non dipende da quanto tempo è passato dal momento in cui l'infezione è stata contratta, e si assume che una volta guariti non è possibile la reinfezione.

Le leggi di evoluzione sono espresse da equazioni differenziali ordinarie, che descrivono la variazione delle variabili S(t), $I(t) \in R(t)$ rispetto al tempo:

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t) \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ S'(t) = \gamma I(t), \end{cases}$$
(1.1)

dove β e γ sono rispettivamente il tasso di infezione e rimozione/guarigione. Per essere ben definito, il modello matematico necessita delle condizioni iniziali S(0) > 0, I(0) > 0 e R(0) = 0.

Dallo studio analitico di tale sistema di equazioni differenziali è emerso che la dinamica e l'evoluzione asintotica dell'epidemia dipendono da un parametro fondamentale, il cosiddetto numero riproduttivo di base R_0 :

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} S(0)$$

che rappresenta il numero di nuovi casi prodotti da un infetto, nel corso della sua malattia, in una popolazione tutta suscettibile.

Si è dimostrato che per valori di $R_0 < 1$, cioè se il numero iniziale S(0) di suscettibili è inferiore a $S^* = \frac{\beta}{\gamma}$, detta soglia epidemiologica, allora l'epidemia si estinguerà senza generare nuovi infetti, dunque con conseguenze limitate. Se invece $R_0 > 1$, cioè il numero iniziale S(0) di suscettibili è superiore a S^* , allora la malattia si propaga fino a raggiungere il picco dell'infezione, invadendo la popolazione.

Nella sua semplicità, il modello SIR riesce a catturare l'elemento chiave che influenza la dinamica di diffusione della malattia, suggerendo dunque su cosa intervenire per attuare strategie di contenimento dell'infezione.

Il modello SIR, vista la sua semplicità e versatilità, è stato il primo di una lunga serie di modelli compartimentali sviluppati negli anni successivi al fine di studiare dinamiche sempre più complesse.

L'estensione più semplice è considerare ad esempio tassi di natalità e mortalità, ottenendo dunque un modello che tenga conto anche della demografia.

Al fine di arricchire ulteriormente la dinamica, sono stati sviluppati modelli aggiungendo compartimenti rappresentanti altri stati.

Ad esempio, se si vuole considerare lo stato di infezione latente non contagiosa E, si usa il modello SEIR, mentre nel caso in cui si guarisca dall'infezione senza sviluppare immunità e i soggetti ritorneranno ad essere suscettibili in funzione di un determinato tasso di guarigione, allora si usa il modello SIS. Un'estensione del modello SEIR è l'M-SEIR, che tiene conto della categoria M, composta di neonati che ricevono dalla propria madre, se questa è stata infetta, anticorpi che li difendono dalla malattia, e diventano suscettibili una volta che gli anticorpi materni scompaiono. Se si vuole considerare invece la possibilità per gli individui suscettibili di essere immunizzati alla nascita, allora si introduce il compartimento V dei vaccinati, giungendo al modello SIRV.

Quelli citati finora sono tutti modelli di tipo deterministico, ma ne sono stati proposti anche molti che tengono conto degli effetti stocastici, a partire dagli anni trenta con il lavoro mai pubblicato di Lowell Reed e Wade Hampton Frost della Johns Hopkins University, e poi quello proposto nel 1975 da N.T.J. Bailey [4].

Tali modelli, oltre alla stocasticità intrinseca di ogni fenomeno naturale, tengono conto anche del fatto che le infezioni vengono trasmesse per mezzo di contatti sociali, modellando il passaggio da un compartimento all'altro in termini di probabilità.

1.2 Modelli con struttura

Un limite di tali modelli compartimentali è dato dal fatto che la probabilità di contatto tra i soggetti suscettibili e quelli infetti dipende unicamente dal loro numero, o densità, nella popolazione. Dal momento che le infezioni vengono trasmesse nel corso di contatti sociali, questo tipo di assunzione può risultare irrealistica.

Per descrivere la dinamica di alcune epidemie, può essere utile tenere conto di variabili interne che qualifichino i contatti all'interno della popolazione. Ad esempio, per modellizzare adeguatamente la trasmissione di infezioni come il morbillo è necessario tenere conto dell'età dei soggetti, analogamente per modellizzare la diffusione di infezioni sessualmente trasmesse è necessario suddividere la popolazione in base al sesso.

Per rispondere a tale esigenza nascono i cosiddetti modelli con struttura, formulati in termini di equazioni differenziali alle derivate parziali, in cui il numero di individui in ogni compartimento, così come tutte le altre variabili e parametri presi in considerazione, non dipendono solo dal tempo ma sono funzione anche di una seconda variabile, quale l'età ad esempio [2, 9, 20, 21, 22].

1.3 Modelli su rete

Nei modelli visti finora vi è l'assunzione di base per cui la popolazione è omogenea e ben mescolata, ogni individuo dunque è in contatto con ogni altro individuo nella popolazione. Intuitivamente, tale ipotesi risulta poco realistica, in quanto sappiamo che la popolazione è definita mediante strutture sociali.

E' molto più probabile essere infettati da un collega, un amico o un membro della propria famiglia, in quanto vi si passa più tempo e si ha un contatto più stretto; un limite dei modelli compartimentali infatti è non tener conto di tali strutture sociali.

E' proprio su questo punto che si focalizzano i cosiddetti modelli su rete, noti anche come modelli su grafo o network, fornendo uno strumento per descrivere la struttura spaziale della popolazione e le sue interazioni [8, 17, 24, 34, 46].

Solitamente i nodi del grafo rappresentano gli individui, mentre gli edge descrivono le interazioni che potrebbero potenzialmente portare alla trasmissione dell'infezione. Si osservi inoltre che nella maggior parte dei casi i modelli epidemiologici su network sono descritti da grafi indiretti: sebbene la trasmissione dell'infezione sia un evento direzionale (da un individuo infetto ad un suscettibile), la probabilità di trasmissione, che si concretizza nell'interazione tra gli individui, sarebbe però la stessa se la disposizione dei due soggetti fosse invertita.

1.4 Modelli cinetici

Un ulteriore elemento da tenere in considerazione nella descrizione della dinamica di diffusione di una malattia infettiva è che ogni soggetto è caratterizzato da un determinato stadio di malattia o stato di salute, potenzialmente diverso da un altro soggetto appartenente al suo stesso compartimento, e tale stadio può subire variazioni a seguito delle interazioni con tutti gli altri soggetti della popolazione o in funzione del decorso naturale della malattia.

La teoria cinetica permette di descrivere in termini matematici tale aspetto, giungendo

ad una descrizione macroscopica dell'evoluzione della malattia a partire dalla dinamica di aggiornamento dello stato microscopico a seguito delle interazioni stocastiche tra i soggetti. E' dunque l'analisi dettagliata delle interazioni microscopiche a giocare un ruolo fondamentale.

Tali elementi chiave vengono messi in luce nel lavoro di M. Delitala [13], in cui vi è una prima applicazione delle teorie cinetiche in campo epidemiologico.

Vari aspetti di novità vengono introdotti in [12]: in primo luogo si considera la mutazione spontanea dell'agente patogeno, ed in particolare la diretta proporzionalità tra il passare del tempo e l'aggressività del virus; in secondo luogo viene modellizzato il ruolo del sistema immunitario, chiaramente fondamentale nel determinare il decorrere dell'infezione.

Il ruolo fondamentale che riveste la carica virale nella dinamica di diffusione dell'infezione viene analizzato in [48], e vengono indagati numericamente tre tipi di comportamento umano in relazione alla diffusione epidemica locale.

Nel modello presentato in [40] invece, viene sviluppata un'equazione di tipo Boltzmann per 3 specie di particelle rappresentanti i compartimenti del modello SIR. Tale trattazione risulta più dettagliata rispetto a quella classica del modello compartimentale, in quanto include lo spazio e le velocità degli agenti.

Come già evidenziato, un aspetto fondamentale della dinamica di diffusione della malattia che la toeria cinetica è in grado di catturare è quello del contatto sociale. In [16] infatti, viene proposta la classica modellizzazione compartimentale della dinamica epidemica integrata con una descrizione cinetica della distribuzione dei contatti all'interno della popolazione. Il modello cinetico permette di dimostrare come la diffusione della malattia è strettamente legata al numero medio di contatti, e come un controllo selettivo basato sull'isolamento degli individui con un alto numero medio di contatti giornaliero possa portare ad un contenimento dell'infezione.

E' chiaro dunque che i modelli cinetici permettono di descrivere la progressione del contagio come risultato di contatti microscopici tra i singoli individui, giungendo ad una descrizione statistica senza bisogno di una compartimentazione netta della popolazione.

Ed è proprio su tale concetto che si basa il modello cinetico proposto da N. Loy e A. Tosin [30], punto di partenza per lo sviluppo del modello matematico proposto nel seguente lavoro di tesi. Ogni agente infatti, oltre ad essere caratterizzato da uno stato microscopico quale la sua carica virale ad esempio, è identificato anche attraverso un'etichetta che indica il gruppo a cui appartiene, ed in particolare distingue gli individui posti in isolamento perché riconosciuti infetti e contagiosi da quelli liberi di interagire. In tale modello, la dinamica di interazione microscopica è integrata con il processo di Markov che descrive il cambio di etichetta, giungendo ad equazioni cinetiche che permettono di descrivere la dinamica di contagio della malattia in ogni gruppo.

Capitolo 2

Teoria cinetica di tipo Boltzmann per i sistemi multi-agente

La teoria cinetica nasce alla fine del dell'Ottocento con i lavori di L. Boltzmann, il quale si pose l'obiettivo di capire, studiando i gas, come le caratteristiche termodinamiche quali pressione, temperatura, entropia, si originassero dalla fisica semplice della collisione delle molecole di gas soggette ad agitazione termica. Le molecole del gas infatti, muovendosi nello spazio in cui sono confinate, urtano le une contro le altre producendo cambiamenti nel moto e inducendo su scala aggregata le caratteristiche termodinamiche osservabili macroscopicamente. Nel 1872 [6] Boltzmann riuscì a concepire un modello matematico, ed in particolare un'equazione che prese poi il suo nome, attraverso la quale era possibile mettere in relazione la fisica microscopica degli urti delle molecole con la comparsa di fenomeni aggregati osservabili a scala macroscopica, spiegando in questo modo come le due scale fossero intimamente collegate.

Una volta che queste teorie si furono consolidate nel loro naturale ambito di applicazione, cioè la gasdinamica, si iniziarono a notare analogie tra questo e altri ambiti di applicazione apparentemente molto distanti, e a chiedersi se tali formalismi teorici potessero essere sfruttati per studiare quello che accade in sistemi completamente diversi dal punto di vista fisico, ma dal punto di vista matematico suscettibili ad una descrizione astratta comune.

Si tratta dei cosiddetti sistemi multi-agente, sistemi fisici composti da un numero elevato di unità elementari, dette agenti o particelle, le quali danno vita a determinate dinamiche mediante interazioni reciproche.

Sicuramente il gas rientra in tale descrizione: gli agenti sono le molecole o atomi del gas e le interazioni sono le collisioni. Questa definizione include molte più classi di sistemi, permettendo quindi di utilizzare la teoria cinetica dei gas per esplorare ambiti di applicazione diversi.

Negli ultimi anni in particolare la letteratura si è notevolmente ampliata, con con-

tributi anche molto recenti: dinamica di distribuzione della ricchezza nella società [11, 15, 35], dinamica delle folle [1, 18], biomatematica [28, 29, 38], dinamica delle opinioni [7, 19, 36, 42, 43], problemi di traffico veicolare [26, 33, 39, 41] con introduzione di veicoli a guida autonoma [37, 44, 45], ed infine l'epidemiologia matematica [12, 13, 16, 30, 40, 48], tema già discusso e centrale nel presente lavoro di tesi.

L'obiettivo delle teorie cinetiche è quello di studiare come, a partire dalle interazioni individuali fra i singoli agenti del sistema, si generino i cosiddetti comportamenti collettivi. Infatti, analizzare i collegamenti tra la scala microscopica alla quale avvengono i fenomeni elementari e quella macroscopica alla quale avvengono i fenomeni osservabili, è di fondamentale importanza non solo per capire come funzionano realmente tali sistemi, ma anche per poterci intervenire nel caso in cui si volesse orientare il comportamento collettivo di tali sistemi verso configurazioni diverse da quelle che tenderebbero ad assumere naturalmente. Si osservi infatti che tutti questi sistemi non sono facilmente controllabili alla scala macroscopica, dunque per avere un comportamento collettivo controllato è necessario intervenire sui fenomeni di interazione alla scala microscopica e capire come l'informazione si trasmette sulla scala macroscopica.

Si può concludere che l'obiettivo della teoria cinetica di tipo Boltzmann per i sistemi multi-agente è sviluppare modelli microscopici di interazione tra le particelle del sistema per poi passare ad equazioni che ne descrivano il comportamento collettivo osservabile macroscopicamente.

2.1 Deduzione dell'equazione di tipo Boltzmann

Si introduca una variabile $v_i \in \mathbb{R}$, che indichi lo stato microscopico dell'i-esima particella o agente del sistema, con i = 1, ..., N e $N \gg 1$ numero totale di agenti presenti nel sistema, molto grande per definizione. Lo stato $v_i = v_i(t)$ può essere una funzione a valori reali di una variabile, che generalmente è il tempo $t \ge 0$. Si noti che a seconda dell'ambito di applicazione, v_i può assumere valori in un sottoinsieme proprio di \mathbb{R} . La variazione nel tempo dello stato microscopico dell'i-esima particella dipende proporzionalmente dall'interazione binaria con tutte le altre particelle del sistema:

$$\frac{dv_i}{dt} = \gamma \sum_{j=1}^{N} I(v_i, v_j), \quad i = 1, \cdots N,$$

dove γ è il coefficiente di proporzionalità ed I la funzione di interazione binaria tra due particelle aventi stato microscopico $v_i \in v_j$ rispettivamente. In questo modo, per avere l'evoluzione nel tempo dello stato di tutte le particelle componenti il sistema, è necessario risolvere un sistema di N equazioni differenziali. Tuttavia tale modellizzazione matematica risulta poco agevole, in quanto si vuole modellare un sistema in cui il numero di particelle N sia molto grande.

L'idea di Boltzmann è stata quella di sostituire alla descrizione della dinamica di ogni singola particella una descrizione statistica aggregata del sistema, a partire dalla singola interazione rappresentativa tra due generiche particelle.

Allora, considerando una singola interazione in un intervallo di tempo Δt sufficientemente piccolo, la variazione dello stato microscopico v_i si può approssimare come segue:

$$\frac{v_i(t+\Delta t) - v_i(t)}{\Delta t} = \gamma I(v_i(t), v_j(t)), \qquad (2.1)$$

dove v_i e v_j sono gli stati pre-interazione di due generiche particelle *i* e *j*, mentre $v_i(t + \Delta t)$ è lo stato post-interazione.

Si introduca la notazione per cui gli stati pre-interazione sono indicati con $v_i(t) := v$ e $v_j(t) = v_*$, e quelli post-interazione come $v_i(t+\Delta t) := v'$ e $v_j(t+\Delta t) := v'_*$. Allora dalla (2.1) le leggi di interazione binaria, cioè avendo supposto che le interazioni avvengano a coppie, sono le seguenti:

$$v' = v + \varepsilon I(v, v_*)$$
$$v'_* = v_* + \varepsilon I(v_*, v),$$

con $\varepsilon := \gamma \Delta t$ e $I : \mathbb{R} \times \mathbb{R} \to \mathbb{R}$ funzione assegnata. Si noti che tale modello è deterministico, cioè dati gli stati v, v_* e assegnata la funzione di interazione I, gli stati post-interazione v' e v'_* sono univocamente determinati.

Tuttavia lo stato microscopico di un particella può subire esso stesso delle variazioni che non dipendono necessariamente dall'interazione binaria con le altre particelle del sistema, dunque per completezza risulta necessario aggiungere un termine di fluttuazione stocastica, per cui le leggi di interazione binaria risultano:

$$v' = v + \varepsilon I(v, v_*) + D(v)\eta$$

$$v'_* = v_* + \varepsilon I(v_*, v) + D(v_*)\eta_*,$$
(2.2)

dove η, η_* sono due variabili aleatorie indipendenti ed identicamente distribuite con media nulla e varianza σ^2 strettamente positiva, mentre $D(v), D(v_*)$ è una funzione a valori in \mathbb{R}^+_0 che determina l'entità della fluttuazione stocastica in base allo stato microscopico corrente della particella.

Al fine di fornire una descrizione di tipo statistico del fenomeno, si definisce la funzione densità di probabilità dello stato microscopico v al tempo t:

$$f = f(t, v) : \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R} \to \mathbb{R}_+,$$

per cui la quantità f(t, v)dv indica la probabilità che una generica particella abbia, al

tempo t, uno stato microscopico compreso tra v e v + dv. L'equazione di tipo Boltzmann descrive dunque l'evoluzione della funzione f determinata dalle equazioni in (2.2). Siano $V_t e V_{*t}$ due variabili aleatorie che rappresentano gli stati microscopici di due generiche particelle al tempo t, di cui $v e v_*$ sono due realizzazioni rispettivamente, e $V_t, V_{*t} \sim f(t, v)$.

Sia inoltre $T \in \{0, 1\}$ una variabile aleatoria che indica se avviene (T = 1) o meno (T = 0) l'interazione: $T \sim Bernoulli(\mu\Delta t)$, con $\mu > 0$, cioè l'interazione avviene con una probabilità proporzionale all'intervallo di tempo Δt . Si noti che la quantità $\mu\Delta t$ è una probabilità, dunque segue la seguente restrizione sul passo temporale:

$$\Delta t \leq \frac{1}{\mu}.$$

La legge che descrive il processo stocastico di interazione binaria si può esprimere come segue:

$$V_{t+\Delta t} = (1-T)V_t + TV_t',$$
(2.3)

dove la variabile aleatoria V'_t descrive lo stato post-interazione e segue la legge descritta in (2.2). Le variabili aleatorie V_t e V_{*t} seguono la (2.3), cioè rimangono uguali se l'interazione binaria non avviene, mentre si aggiornano se c'è interazione.

Infine, si è soliti adottare l'ipotesi semplificativa per cui la variabile aleatoria T è indipendente da $V_t \in V_{*t}$, cioè la probabilità che un'interazione avvenga o meno non dipende dallo stato microscopico delle due particelle potenzialmente interagenti.

Si definisca ora $\varphi : \mathbb{R} \to \mathbb{R}$, osservabile macroscopica funzione dello stato microscopico v. Tale funzione rappresenta una qualsiasi grandezza osservabile macroscopicamente che può essere calcolata a partire dallo stato microscopico del sistema, per cui, $\forall \varphi$ osservabile del sistema, vale:

$$\varphi(V_{t+\Delta t}) = \varphi((1-T)V_t + TV_t').$$

Indicando con $\langle \cdot \rangle$ la media rispetto alla variabile aleatoria T, si ha

$$\frac{\langle \varphi(V_{t+\Delta t}) \rangle - \langle \varphi(V_t) \rangle}{\Delta t} = \mu[\langle \varphi(V_t') \rangle - \langle \varphi(V_t) \rangle],$$

da cui, facendo il limite per $\Delta t \to 0^+$ al fine di ottenere una descrizione istantanea del sistema, e ricordando che V'_t è una variabile aleatoria funzione della coppia (V_t, V_{*t}) , si ottiene la seguente equazione integro differenziale:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv = \mu \Big[\int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} \langle \varphi(v') \rangle f_2(t, v, v_*) dv dv_* - \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv \Big], \quad \forall \varphi \quad (2.4)$$

dove $f_2(t, v, v_*)$ è la funzione di distribuzione congiunta di (V_t, V_{*t}) .

Si noti che tale equazione ha come incognite le funzioni f ed f_2 , dunque per risolverla è necessaria un'ipotesi modellistica. Tale ipotesi risiede nell'Ansatz di Boltzmann: si supponga che tra due interazioni successive di due determinati agenti avvenga un numero elevato di interazioni con altri agenti, tale da rendere gli stati dei due agenti interagenti statisticamente indipendenti tra loro.

Per tale motivo, la distribuzione congiunta f_2 può essere espressa come prodotto delle distribuzioni marginali

$$f_2(t, v, v_*) = f(t, v)f(t, v_*)$$

Si noti che entrambi gli stati sono descritti dalla funzione f, e questo perché le due particelle interagenti fanno parte dello stesso sistema, dunque sono descritte dalla stessa densità di probabilità.

Allora sotto tale ipotesi, l'equazione (2.4) può essere riscritta come equazione per la sola funzione di distribuzione f:

$$\frac{d}{dt}\int_{\mathbb{R}}\varphi(v)f(t,v)dv = \mu\Big[\int_{\mathbb{R}}\int_{\mathbb{R}}\langle\varphi(v')\rangle f(t,v)f(t,v_*)dvdv_* - \int_{\mathbb{R}}\varphi(v)f(t,v)dv\Big], \quad \forall \varphi.$$

Ricordando che f è una densità di probabilità, dunque $\int_{\mathbb{R}} f(t, v_*) dv_* = 1$, si ottiene l'equazione di tipo Boltzmann per la densità di probabilità f:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv = \mu \langle \int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} (\varphi(v') - \varphi(v)) f(t, v) f(t, v_*) dv dv_* \rangle,$$
(2.5)

che vale per ogni φ osservabile macroscopica. Tale equazione ci dice che la variazione nel tempo della media dell'osservabile φ è dovuta alla variazione media di φ in una singola interazione microscopica rappresentativa.

2.1.1 Osservabili macroscopiche di interesse

La funzione φ può assumere diversi significati fisici di interesse a seconda di come viene scelta. In particolare, scegliendo $\varphi(v) = 1$ si ha che

$$\frac{d}{dt}\int_{\mathbb{R}_+}f(t,v)dv=0,$$

dunque la massa totale delle particelle nel sistema si conserva nel tempo.

Ponendo invece $\varphi(v) = v^n$, con n = 1, 2, ..., si ottiene l'evoluzione nel tempo dei momenti statistici di ordine n di f.

Infatti per $\varphi(v) = v$ si ha che lo stato medio $m(t) := \int_{\mathbb{R}_+} vf(t, v)$, tenendo conto della legge di interazione microscopica (2.2) e del fatto che la variabile aleatoria η ha media

nulla, evolve nel tempo secondo

$$\frac{dm}{dt} = \mu \varepsilon \int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} I(v, v_*) f(t, v) f(t, v_*) dv dv_*, \qquad (2.6)$$

cioè la variazione nel tempo dello stato medio del sistema dipende proporzionalmente dal valor medio della funzione di interazione, dunque si noti come una caratteristica microscopica determini una variazione su una caratteristica macroscopica del sistema. Il momento statistico di ordine due $E(t) := \int_{\mathbb{R}} v^2 f(t, v) dv$ è l'energia totale del sistema, e l'evoluzione nel tempo di tale quantità si ottiene ponendo $\varphi(v) = v^2$ nell'equazione di tipo Boltzmann (2.5):

$$\frac{dE}{dt} = \mu \Big[\varepsilon^2 \int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} I^2(v, v_*) f(t, v) f(t, v_*) dv dv_* \\
\sigma^2 \int_{\mathbb{R}} D^2(v) f(t, v) dv \\
2\varepsilon \int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} v I(v, v_*) f(t, v) f(t, v_*) dv dv_* \Big].$$
(2.7)

Il primo termine a destra dell'uguale è un contributo positivo dovuto all'interazione microscopica, ed insieme al secondo generato dalla fluttuazione stocastica porta ad un aumento dell'energia totale del sistema. Per quanto riguarda il terzo termine invece, anch'esso dipende dalle interazioni microscopiche ma non ha segno costante, in quanto non abbiamo ipotesi di segno sulla funzione di interazione I e la variabile v varia su tutto l'insieme \mathbb{R} . Si può quindi concludere che mentre le fluttuazioni stocastiche danno sempre un contributo di immissione di energia nel sistema, le interazioni danno invece un contributo che può essere sia di immissione che assorbimento.

Infine, dalle equazioni precedenti, è possibile ricavare l'evoluzione temporale di un'altra quantità macroscopica, quale l'energia interna $e(t) := E(t) - m^2(t)$:

$$\frac{de}{dt} = \int_{\mathbb{R}} v^2 f(t, v) dv - \left(\int_{\mathbb{R}} v f(t, v) dv\right)^2.$$
(2.8)

Si noti che dal punto di vista statistico tale equazione descrive la variazione nel tempo della varianza della distribuzione f.

Si consideri il caso specifico in cui la legge di interazione binaria (2.2) sia lineare, cioè del tipo

$$v' = pv + qv_*, \tag{2.9}$$

con $p, q \in \mathbb{R}_+$ coefficienti deterministici o aleatori indipendenti.

Anche in questo caso, è evidente che ponendo $\varphi(v) = 1$ nell'equazione cinetica (2.5), si ha che la massa totale delle particelle nel sistema si conserva.

Ponendo invece $\varphi(v) = v$, e considerando la legge di interazione microscopica lineare

espressa in (2.9) si ha che lo stato medio m(t) evolve nel tempo secondo

$$\frac{dm}{dt} = \langle p + q - 1 \rangle m.$$

Da cui se $\langle p+q \rangle = 1$ allora *m* si conserva nel tempo, mentre se $\langle p+q \rangle > 1$ o $\langle p+q \rangle < 1$ allora *m* va all'infinito o descresce a zero esponenzialmente rispettivamente.

La variazione nel tempo dell'energia totale E(t) è invece data dalla seguente equazione:

$$\frac{dE}{dt} = \langle p^2 + q^2 - 1 \rangle E + 2 \langle pq \rangle m^2.$$

Infine, dalle equazioni precedenti, è possibile ricavare l'evoluzione temporale dell'energia interna e(t):

$$\frac{de}{dt} = \langle p^2 + q^2 - 1 \rangle e + \langle (p+q-1)^2 \rangle m^2.$$

Si noti che se m si conserva nel tempo ed è un valore diverso da zero, allora per valori di $p \in q$ tali che $\langle p^2 + q^2 \rangle < 1$ si ha che entrambe le quantità E ed e tendono asintoticamente ad un valore finito.

2.1.2 Forma forte dell'equazione di Boltzmann

Per quanto detto precedentemente, gli stati post-interazione sono funzione degli stati pre-interazione, cioè $(v', v'_*) = I(v, v_*)$. Per derivare la forma forte dell'equazione di tipo Boltzmann definita in (2.5), è necessario supporte che la funzione di interazione Isia invertibile e differenziabile, così che sia possibile scrivere le variabili pre-interazione in funzione di quelle post-interazione come $(v, v_*) = I^{-1}(v', v'_*)$, e

$$dvdv_* = J_{I^{-1}}dv'dv'_* = \frac{1}{J_I}dv'dv'_*$$

Allora

$$\int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v') f(t, v) f(t, v_*) dv dv_* = \int_{\mathbb{R}} \varphi(v') \Big(\int_{\mathbb{R}} \frac{1}{J_I} f(t, v) f(t, v_*) dv'_* \Big) dv', \qquad (2.10)$$

e sostituendo l'espressione appena trovata nella (2.5), segue che l'equazione di tipo Boltzamann può essere riscritta come

$$\int_{\mathbb{R}} \varphi(v) \partial_t f(t, v) dv = \mu \int_{\mathbb{R}} \varphi(v') \langle \int_{\mathbb{R}} \frac{1}{J_I} f(t, v) f(t, v_*) dv'_* \rangle dv' - \mu \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv$$

Rinominando le variabili di integrazione come v' := v, v := vv, $v_* := vv_*$, $v'_* := v_*$, e data l'arbitrarietà della funzione φ , si ottiene la forma forte dell'equazione di tipo Boltzmann:

$$\partial_t f = \mu \int_{\mathbb{R}} \frac{1}{J_I} f(t, \prime v) f(t, \prime v_*) dv_* - \mu f, \qquad (2.11)$$

dove la relazione tra le variabili è $(\nu, \nu_*) = I^{-1}(\nu, \nu_*)$.

Si noti che nella derivazione della forma forte è stato necessario supporre che la funzione di interazione binaria sia sufficientemente regolare, cosa che invece non è necessaria se si vuole usare l'equazione in forma debole, in cui sono ammesse funzioni di interazione irregolari.

2.2 Limite delle interazioni quasi-invarianti ed equazione di Fokker-Planck

Uno degli aspetti piu interessanti della teoria cinetica è la caratterizzazione della distribuzione stazionaria che si ha asintoticamente per $t \to +\infty$.

Un metodo efficace per lo studio del comportamento emergente del sistema è quello del limite quasi-invariante, che permette di passare dall'equazione integro differenziale di tipo Boltzmann ad un'equazione differenziale più semplice da studiare analiticamente, detta equazione di Fokker-Planck [10, 14, 27].

L'idea alla base del limite quasi-invariante è quella di studiare cosa accade in un regime in cui la differenza tra lo stato pre-interazione e quello post-interazione è sufficientemente piccola, da cui il nome. Tale concetto trova le radici nella teoria cinetica classica, ed in particolare nel concetto di *grazing collision* [14, 30, 47].

Per regime di parametri quasi-invariante si intende la seguente configurazione:

- $0 < \varepsilon \ll 1$
- $\sigma^2 = \varepsilon$ • $\mu = \frac{1}{\varepsilon}$

In questo modo, dalla legge di interazione microscopica in (2.2) si ha che $v' \approx v$, cioè l'interazione fa variare di pochissimo lo stato microscopico (da cui interazioni quasiinvarianti), e la frequenza μ è scalata in modo che essa aumenti quando ε diminuisce, così che un'alta frequenza di interazione bilanci il piccolo effetto di ciascuna di esse. Sotto tali ipotesi l'equazione di tipo Boltzmann diventa

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv = \frac{1}{\varepsilon} \langle \int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} (\varphi(v') - \varphi(v)) f(t, v) f(t, v_*) dv dv_* \rangle.$$
(2.12)

Si consideri ora una funzione φ sufficientemente regolare ed a supporto compatto, cioè $\varphi \in \mathcal{C}^3_C(\mathbb{R})$, e si supponga inoltre che le funzioni $I(v, v_*) \in D(v)$ siano limitate su $\mathbb{R} \times \mathbb{R}$ ed \mathbb{R} rispettivamente.

Sviluppando la differenza $\varphi(v') - \varphi(v)$ in serie di Taylor centrata in v, ed esplicitando

v' - v con la regola di interazione (2.2), si ha:

$$\begin{aligned} \varphi(v') - \varphi(v) &= \varphi'(v)(\varepsilon I + D\eta) + \frac{1}{2}\varphi''(v)(\varepsilon^2 I^2 + 2\varepsilon I D\eta + D^2 \eta^2) \\ &+ \frac{1}{6}\varphi'''(\bar{v})(\varepsilon^3 I^3 + 3\varepsilon^2 I^2 D\eta + 3\varepsilon I D^2 \eta^2 + D^3 \eta^3), \end{aligned}$$

con $\bar{v} \in [v, v']$ se $v' \ge v$, e $\bar{v} \in [v', v]$ se $v \ge v'$.

Sostituendo tale espressione nell'equazione (2.12), e ricordando che $\langle \eta \rangle = 0$ e $\langle \eta^2 \rangle = \sigma^2 = \varepsilon$, si ha:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv = \int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} \left[\varphi'(v) I + \frac{1}{2} \varphi''(v) \varepsilon I^2 + \frac{1}{2} \varphi''(v) D^2 + \frac{1}{6} \varphi'''(\bar{v}) \varepsilon^2 I^3 + \frac{1}{6} \varphi'''(\bar{v}) 3 \varepsilon I D^2 + \frac{1}{6\varepsilon} \varphi'''(\bar{v}) D^3 \langle \eta^3 \rangle \right] f(t, v) f(t, v_*) dv dv_*,$$
(2.13)

il cui limite quasi-invariante si ha per $\varepsilon \to 0^+$.

Si noti che è possibile scrivere $\eta = \sqrt{\varepsilon}Y$, con Y variabile aleatoria con media $\langle Y \rangle = 0$ e varianza $\langle Y^2 \rangle = 1$, allora

$$\lim_{\varepsilon \to 0^+} \frac{\langle \eta^3 \rangle}{6\varepsilon} = \frac{\langle Y^3 \rangle}{6} \lim_{\varepsilon \to 0^+} \sqrt{\varepsilon} = 0.$$
 (2.14)

Inoltre, ricordando le ipotesi di limitatezza fatte sulle funzioni $D \in \varphi'''$ e che la funzione fè una densità di probabilità, è facile dimostrare che

$$\int_{\mathbb{R}} \int_{\mathbb{R}} \varphi^{\prime\prime\prime}(\bar{v}) D^3 f(t, v) f(t, v_*) dv dv_* < +\infty$$
(2.15)

In definitiva, tenendo conto dei risultati in (2.14) e (2.15), dal limite quasi-invariante della (2.13) risulta la seguente equazione:

$$\begin{split} \frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t,v) dv &= \int_{\mathbb{R}} \varphi'(v) \bigg(\int_{\mathbb{R}} I(v,v_*) f(t,v_*) dv_* \bigg) f(t,v) dv \\ &+ \frac{1}{2} \int_{\mathbb{R}} \varphi''(v) D^2(v) f(t,v) dv. \end{split}$$

Da cui, integrando più volte per parti ed osservando che i termini di bordo si annullano poiché la funzione φ è a supporto compatto, si ottiene:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) f(t, v) dv = -\int_{\mathbb{R}} \varphi(v) \partial_{v} \Big[\Big(\int_{\mathbb{R}} I(v, v_{*}) f(t, v_{*}) dv_{*} \Big) f(t, v) \Big] dv
+ \frac{1}{2} \int_{\mathbb{R}} \varphi(v) \partial_{v}^{2} (D^{2}(v) f(t, v)) dv, \quad \forall \varphi \in \mathcal{C}_{C}^{3}(\mathbb{R}),$$
(2.16)

che è l'equazione a cui si perviene nel limite quasi-invariante $\varepsilon \to 0^+$ a partire dall'equazione di tipo Boltzmann (2.5). La forma forte dell'equazione di cui sopra è detta equazione di Fokker-Planck:

$$\partial_t f = -\partial_v \Big[\Big(\int_{\mathbb{R}} I(v, v_*) f(t, v_*) dv_* \Big) f \Big] + \frac{1}{2} \partial_v^2 (D^2(v) f).$$
(2.17)

Il primo termine a destra dell'uguale è un termine di trasporto, e rappresenta l'effetto della parte deterministica della dinamica di interazione. Il secondo termine rappresenta le fluttuazioni stocastiche ed è un termine di diffusione, da cui D è detto anche coefficiente di diffusione.

2.3 Algoritmo di tipo Monte Carlo per l'approssimazione numerica dell'equazione di tipo Boltzmann

Si ricordi la forma forte dell'equazione di tipo Boltzmann:

$$\partial_t f = \mu \Big(\int_{\mathbb{R}} \frac{1}{J_{\mathcal{C}}} f(t, \prime v) f(t, \prime v_*) dv_* - f \Big),$$
(2.18)

la quale esprime un bilancio tra guadagno e perdita di particelle con stato microscopico v.

Si definisce infatti l'operatore di guadagno

$$Q^{+}(f,f)(t,v) := \int_{\mathbb{R}} \frac{1}{J_{\mathcal{C}}} f(t,tv) f(t,tv_{*}) dv_{*},$$

che esprime quante particelle con stato microscopico v si guadagnano in media a seguito della dinamica di interazione. In altre parole tale operatore conta statisticamente quante sono le particelle che, partendo da uno stato microscopico diverso da v, grazie alle interazioni guadagnano lo stato v. E' detto operatore di guadagno in quanto fa aumentare la derivata nel tempo della funzione di distribuzione f, quindi in un certo senso fa crescere il numero di particelle nello stato microscopico v.

Allo stesso modo il secondo termine a destra dell'uguale è un termine di perdita. Esso esprime infatti quante particelle, che inizialmente erano nello stato v, passano ad uno stato microscopico diverso da v a causa della dinamica di interazione.

Dunque l'equazione (2.18) può essere riscritta come

$$\partial_t f = \mu(Q^+(f, f) - f).$$
 (2.19)

Al fine di discretizzare esplicitamente in tempo l'equazione, si introduca una griglia temporale definita come

$$t^n := n\Delta t,$$

con $n \in \mathbb{N}$ e $\Delta t > 0$. Allora, approssimando la funzione f come

$$f^n(v) := f(t^n, v),$$

l'equazione (2.19) discretizzata esplicitamente in tempo risulta:

$$f^{n+1}(v) = (1 - \mu\Delta t)f^n(v) + \mu\Delta tQ^+(f^n, f^n)(v), \qquad (2.20)$$

e si scelga Δt tale che $\mu \Delta t \leq 1$.

Si noti che f^{n+1} è combinazione lineare convessa di f^n e $Q^+(f^n, f^n)$. Per definizione della funzione f, si ha

$$\int_{\mathbb{R}} f^n(v) dv = 1, \quad \forall n \in \mathbb{N};$$

mentre dalla conservazione della massa nell'equazione di Boltzmann e dal fatto che f è una distribuzione, segue che

$$\int_{\mathbb{R}} Q^+(f^n, f^n)(v) dv = 1, \quad \forall n \in \mathbb{N}.$$

Questo garantisce dunque che ad ogni passo temporale f^{n+1} sia una densità di probabilità, in quanto combinazione convessa di densità di probabilità.

Dal punto di vista della dinamica stocastica di interazione microscopica, l'equazione (2.20) ci dice che in un passo temporale Δt :

- i. con probabilità $1 \mu \Delta t$ le particelle non interagiscono, e dunque f al passo n + 1risulta essere uguale ad f al passo precedente n;
- ii. con probabilità $\mu \Delta t$ l'interazione avviene, quindi f^{n+1} varia in funzione delle interazioni codificate nel termine di guadagno $Q^+(f^n, f^n)$.

Al fine di velocizzare l'evoluzione numerica della soluzione è opportuno scegliere $\Delta t = \frac{1}{\mu}$. In questo modo si garantisce che ad ogni passo temporale tutte le coppie di particelle interagiranno, evitando quindi la scelta sull'interazione dopo aver selezionato in modo casuale la coppia di particelle.

Per l'algoritmo di Nanbu-Babovski si fa riferimento all'Algoritmo 1 dell'Appendice A.

Capitolo 3

Modello matematico

In questo capitolo, a partire dai classici risultati della teoria cinetica di tipo Boltzmann, di cui al capitolo precedente, viene presentata un'estensione dal modello di N. Loy e A. Tosin [30] al caso di una doppia etichetta discreta, permettendo dunque di discriminare il sistema in esame in ulteriori sottocategorie.

Nella seconda sezione del capitolo tale apparato modellistico matematico viene particolarizzato per descrivere la dinamica di contagio e diffusione di una malattia infettiva in una popolazione divisa in classi sociali.

3.1 Dinamica cinetica di interazione e cambio di etichetta

Si consideri un sistema di agenti descritti da uno stato microscopico $v \in \mathbb{R}_+$. Ogni agente può appartenere ad un diverso gruppo o categoria sociale, identificato univocamente attraverso un'etichetta discreta (x, α) , con $x \in \mathcal{I} = \{1, ..., n\}$ e $\alpha \in \mathcal{J} = \{1, ..., m\}$. Ciascun agente può cambiare entrambe le componenti dell'etichetta secondo un processo di Markov, e si noti che i due processi di cambio di etichetta sono indipendenti uno dall'altro. Le probabilità di transizione che determinano il passaggio da uno stato di sistema all'altro sono definite come segue:

$$T = T(t, v, \alpha; x|y) \in [0, 1] \quad \forall v \in \mathbb{R}_+, \ x, y \in \mathcal{I}, \ t > 0, \ \alpha \in \mathcal{J},$$

$$P = P(t, v, x; \alpha|\beta) \in [0, 1] \quad \forall v \in \mathbb{R}_+, \ x \in \mathcal{I}, \ t > 0, \ \alpha, \beta \in \mathcal{J},$$
(3.1)

dove T è la probabilità che un agente con stato v e appartenente al gruppo α , al tempo t passi da etichetta y ad etichetta x; analogamente P è la probabilità che un agente con stato v e nel gruppo x, al tempo t cambi la classe di appartenenza da β ad α . T e P, in quanto probabilità, devono soddisfare:

$$\int_{\mathcal{I}} T(t, v, \alpha; x | y) dx = 1 \quad \forall v \in \mathbb{R}_+, \ y \in \mathcal{I}, \ t > 0, \ \alpha \in \mathcal{J}$$

$$\int_{\mathcal{J}} P(t, v, x; \alpha | \beta) d\alpha = 1 \quad \forall v \in \mathbb{R}_+, \ x \in \mathcal{I}, \ t > 0, \ \beta \in \mathcal{J}.$$

Inoltre, poiché $x \in \alpha$ sono variabili discrete, allora anche le probabilità $T \in P$ saranno discrete e vale:

$$\int_{\mathcal{I}} T(t, v, \alpha; x|y) dx = \sum_{i=1}^{n} T(t, v, \alpha; i|y),$$

$$\int_{\mathcal{J}} P(t, v, x; \alpha|\beta) d\alpha = \sum_{j=1}^{m} P(t, v, x; j|\beta).$$
(3.2)

Il processo di cambio di etichetta corrisponde al passaggio da un gruppo sociale all'altro, dunque la massa totale degli agenti del sistema si conserva. La massa di ogni gruppo, definito univocamente dalla coppia $(x, \alpha) \ \forall x \in \mathcal{I}, \ \alpha \in \mathcal{J}$ (*nm* gruppi sociali in totale), è invece la quantità che varia nel tempo.

Si osservi inoltre che ogni agente all'interno dello stesso gruppo è indistinguibile.

3.1.1 Dinamica di interazione binaria

Come già detto, ogni agente è caratterizzato da uno stato microscopico $v \in \mathbb{R}_+$, che evolve a causa dell'interazione binaria tra agenti dello stesso gruppo ed agenti appartenenti a gruppi diversi.

Si denotino con $v, v_* \in \mathbb{R}_+$ gli stati pre-interazione di due qualsiasi agenti, allora lo stato post-interazione v' è definito dalla seguente legge microscopica lineare:

$$v' = pv + qv_*, \tag{3.3}$$

con $p, q \in \mathbb{R}_+$ coefficienti deterministici o aleatori indipendenti. Si osservi che il primo termine a destra dell'uguale nella legge microscopica evidenzia come la variazione di stato sia dovuta non solo all'interazione binaria con un altro agente del sistema, ma anche ad una variazione spontanea nel tempo dello stato microscopico stesso.

La funzione $f = f(t, v) : \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}_+$ definisce la distribuzione dello stato microscopico v al tempo t, e la quantità f(t, v)dv indica gli agenti che, al tempo t, hanno uno stato microscopico compreso tra $v \in v + dv$. Tale distribuzione soddisfa l'equazione cinetica di tipo-Boltzmann:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f(t, v) dv = \mu \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \varphi(v') - \varphi(v) \rangle f(t, v) f(t, v_*) dv dv_*$$
(3.4)

per ogni $\varphi : \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}$ osservabile macroscopica, e $\mu \in \mathbb{R}_+$ parametro positivo che indica la frequenza con cui avviene l'interazione, considerato costante. Dunque la variazione nel tempo della media di φ è dovuta alla variazione media di φ in una generica interazione microscopica. Scegliendo $\varphi(v) = 1$ si ha che

$$\frac{d}{dt}\int_{\mathbb{R}^+} f(t,v)dv = 0,$$

dunque la massa totale degli agenti nel sistema si conserva nel tempo.

Ponendo invece $\varphi(v) = v^n$, con $n = 1, 2, \dots$, si ottiene l'evoluzione nel tempo dei momenti statistici di ordine n di f, per la cui trattazione si rimanda alla sezione 2.1.1.

3.1.2 Dinamica di cambio di etichetta

Sia $f(t, x, \alpha) : \mathbb{R}_+ \times \mathcal{I} \times \mathcal{J} \to \mathbb{R}_+$ la funzione di distribuzione degli agenti con etichetta (x, α) al tempo t, la cui evoluzione nel tempo può essere modellata come segue:

$$\partial_t f(t, x, \alpha) = \lambda \Big(\int_{\mathcal{I}} T(t, \alpha; x | y) f(t, y, \alpha) dy - f(t, x, \alpha) \Big) \\ + \eta \Big(\int_{\mathcal{J}} P(t, x; \alpha | \beta) f(t, x, \beta) d\beta - f(t, x, \alpha) \Big),$$
(3.5)

dove $\lambda > 0$ è il tasso con cui avviene lo switch della prima label, ed $\eta > 0$ è il tasso con cui avviene lo switch della seconda label, entrambi assunti costanti.

L'equazione (3.5) è stata ottenuta estendendo al caso di doppia etichetta l'equazione cinetica che descrive il processo di label switching nel caso di una singola etichetta [30], e può essere riscritta in forma debole come segue:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathcal{I}} \int_{\mathcal{J}} \psi(x,\alpha) f(t,x,\alpha) d\alpha dx = -(\lambda+\eta) \int_{\mathcal{I}} \int_{\mathcal{J}} \psi(x,\alpha) f(t,x,\alpha) d\alpha dx
+ \lambda \int_{\mathcal{I}} \int_{\mathcal{I}} \psi(x,\alpha) T(t,\alpha;x|y) f(t,y,\alpha) dx dy
+ \eta \int_{\mathcal{J}} \int_{\mathcal{J}} \psi(x,\alpha) P(t,x;\alpha|\beta) f(t,x,\beta) d\alpha d\beta,$$
(3.6)

dove $\psi : \mathcal{I} \times \mathcal{J} \to \mathbb{R}$ è una quantità osservabile.

Poiché $x \in \mathcal{I}$ e $\alpha \in \mathcal{J}$ sono variabili discrete, allora la funzione di distribuzione f può essere scritta come segue:

$$f(t, x, \alpha) = \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} f_{ij}(t)\delta(x-i)\delta(\alpha-j), \quad i \in \mathcal{I}, j \in \mathcal{J}$$
(3.7)

dove $f_{ij}(t) \ge 0$ è la distribuzione degli agenti che al tempo t hanno etichetta $(x, \alpha) = (i, j)$.

Allora, ricordando anche la (3.2), la (3.6) diventa:

$$\sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \psi(i,j) f'_{ij} = -(\lambda + \eta) \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} f_{ij} \psi(i,j) + \lambda \sum_{i=1}^{n} \sum_{k=1}^{n} \psi(i,\alpha) T(t,\alpha;i|k) f_{k\alpha} + \eta \sum_{j=1}^{m} \sum_{h=1}^{m} \psi(x,j) P(t,x;j|h) f_{xh}.$$
(3.8)

Scegliendo $\psi(i, j) = 1$ per una coppia $(i, j) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J}$ e $\psi(x, \alpha) = 0$ per ogni $(x, \alpha) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J} \setminus \{(i, j)\}$, si ha:

$$f'_{ij} = \lambda \Big(\sum_{k=1}^{n} T(t, j; i|k) f_{kj} - f_{ij} \Big) + \eta \Big(\sum_{h=1}^{m} P(t, i; j|h) f_{ih} - f_{ij} \Big), \quad i = 1 \cdots n, \quad j = 1, \cdots m.$$
(3.9)

3.1.3 Dinamica di interazione binaria e cambio di etichetta

Si consideri ora la funzione di distribuzione $f(t, x, \alpha, v) : \mathbb{R}_+ \times \mathcal{I} \times \mathcal{J} \times \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}_+$, tale che la quantità $f(t, x, \alpha, v)dv$ indica gli agenti che al tempo t hanno etichetta (x, α) e stato microscopico compreso tra $v \in v + dv$.

Poiché x ed α sono variabili discrete, allora anche in questo caso f può essere riscritta come segue:

$$f(t, x, \alpha, v) = \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} f_{ij}(t, v)\delta(x-i)\delta(\alpha-j),$$

dove $f_{ij}(t, v) \ge 0$ è la distribuzione dello stato microscopico v degli agenti con etichetta $(x, \alpha) = (i, j).$

Come già osservato, sia il processo di cambio di etichetta che quello di interazione microscopica conservano la massa totale del sistema, dunque si può assumere che $f(t, x, \alpha, v)$ sia una distribuzione di probabilità, e vale:

$$\int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathcal{I}} \int_{\mathcal{J}} f(t, x, \alpha, v) d\alpha dx dv = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \int_{\mathbb{R}_+} f_{ij}(t, v) dv = 1 \quad \forall t > 0.$$
(3.10)

Quella che non si conserva nel tempo invece, è la massa dei singoli gruppi etichettati. Sia $\rho_{ij}(t)$ la massa del gruppo con etichetta (i, j), definita come segue:

$$\rho_{ij}(t) := \int_{\mathbb{R}_+} f_{ij}(t, v) dv,$$

dunque $0 \le \rho_{ij}(t) \le 1$ e vale

$$\sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \rho_{ij}(t) = 1 \quad \forall t > 0.$$

Sia $(X_t, A_t, V_t) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J} \times \mathbb{R}_+$ una tripla di variabili aleatorie che denota l'etichetta e lo stato microscopico al tempo t del generico agente del sistema considerato, di cui $f(t, x, \alpha, v)$ ne è la distribuzione di probabilità congiunta. Si consideri un intervallo di tempo $\Delta t > 0$ sufficientemente piccolo, allora un agente può cambiare la sua tripla secondo un processo stocastico di Markov a tempo discreto che possiamo descrivere come segue:

$$X_{t+\Delta t} = (1 - \Theta)X_t + \Theta Y_t$$

$$A_{t+\Delta t} = (1 - \Xi)A_t + \Xi B_t$$

$$V_{t+\Delta t} = (1 - \Sigma)V_t + \Sigma V'_t,$$

(3.11)

dove $Y_t \in B_t$ sono variabili aleatorie che rappresentano le nuove etichette dopo un cambio, mentre V'_t è una variabile aleatoria che descrive il nuovo stato microscopico dopo un'interazione binaria. $\Theta, \Xi, \Sigma \in \{0, 1\}$ sono invece delle variabili la cui distribuzione di probabilità è una Bernoulli, indipendenti tra loro e dalle variabili aleatorie introdotte nella (3.11), ed indicano rispettivamente se avviene ($\Theta, \Xi, \Sigma = 1$) o non avviene ($\Theta, \Xi, \Sigma = 0$) un cambio di ciascuna label e un'interazione binaria nell'intervallo di tempo Δt . In particolare, definiamo

$$Prob(\Theta = 1) = \lambda \Delta t, \quad Prob(\Xi = 1) = \eta \Delta t, \quad Prob(\Sigma = 1) = \mu \Delta t, \quad (3.12)$$

dove $\lambda, \eta > 0$ sono le frequenze con cui avvengono i due processi di cambio di etichetta, mentre $\mu > 0$ è la frequenza di interazione.

Si noti che $\lambda \Delta t, \eta \Delta t, \mu \Delta t$ sono probabilità, dunque $\Delta t \leq \min\{\frac{1}{\lambda}, \frac{1}{\eta}, \frac{1}{\mu}\}$, e $\frac{1}{\lambda}, \frac{1}{\eta}, \frac{1}{\mu}$ sono i tempi medi di attesa tra due successivi cambi di etichetta ed interazioni rispettivamente. Le variabili aleatorie $Y_t \in \mathcal{I}$ e $B_t \in \mathcal{J}$ rappresentano il processo Markoviano di cambio di etichetta. Denotiamo con $\widetilde{T}(t, i, \alpha, v)$, con $i \in \mathcal{I}$, e con $\widetilde{P}(t, x, i, v)$, con $i \in \mathcal{J}$, le distribuzioni di probabilità della tripla (Y_t, A_t, V_t) e (X_t, B_t, V_t) rispettivamente, allora:

$$\widetilde{T}(t, i, \alpha, v) = \int_{\mathcal{I}} T(t, \alpha, v; i|j) f(t, j, \alpha, v) dj$$

$$\widetilde{P}(t, x, i, v) = \int_{\mathcal{J}} P(t, x, v; i|j) f(t, x, j, v) dj,$$
(3.13)

dove $T(t, \alpha, v; i|j)$ e P(t, x, v; i|j) sono le probabilità di transizione definite in (3.1). La variabile aleatoria $V'_t \in \mathbb{R}_+$ descrive il nuovo stato microscopico dopo l'interazione binaria con un altro agente descritto dalla tripla $(Z_t, \Gamma_t, V_t^*) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J} \times \mathbb{R}_+$, e la definiamo come:

$$V_t' = pV_t + qV_t^*, (3.14)$$

dove $p,q \in \mathbb{R}_+$ sono coefficienti deterministici o casuali ed indipendenti.

Sia ora $\phi = \phi(x, \alpha, v) : \mathcal{I} \times \mathcal{J} \times \mathbb{R}_+$ un'osservabile macroscopica, allora la variazione media di ϕ in un intervallo di tempo $\Delta t > 0$, tenendo conto della (3.11) e della (3.12), soddisfa:

$$\frac{\langle \phi(X_{t+\Delta t}, A_{t+\Delta t}, V_{t+\Delta t}) \rangle - \langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle}{\Delta t} = \frac{[(1 - \lambda \Delta t)(1 - \eta \Delta t)(1 - \mu \Delta t)] \langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(1 - \lambda \Delta t)(1 - \eta \Delta t)(\mu \Delta t) \langle \phi(X_t, B_t, V_t) \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(1 - \lambda \Delta t)(\eta \Delta t)(1 - \mu \Delta t) \langle \phi(X_t, B_t, V_t) \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(\lambda \Delta t)(1 - \eta \Delta t)(1 - \mu \Delta t) \langle \phi(Y_t, B_t, V_t) \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(\lambda \Delta t)(1 - \eta \Delta t)(\mu \Delta t) \langle \phi(Y_t, B_t, V_t) \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(\lambda \Delta t)(\eta \Delta t)(\mu \Delta t) \langle \phi(X_t, B_t, V_t') \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(\lambda \Delta t)(\eta \Delta t)(\mu \Delta t) \langle \phi(Y_t, B_t, V_t') \rangle}{\Delta t} \\ + \frac{(\lambda \Delta t)(\eta \Delta t)(\mu \Delta t) \langle \phi(Y_t, B_t, V_t') \rangle}{\Delta t} \\ - \frac{\langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle}{\Delta t}.$$

Facendo il limite per $\Delta t \to 0^+$, si ottiene la seguente espressione per la variazione nel tempo della media di ϕ :

$$\frac{d}{dt} \langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle = -(\lambda + \eta + \mu) \langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle + \mu \langle \phi(X_t, A_t, V_t') \rangle
+ \eta \langle \phi(X_t, B_t, V_t) \rangle + \lambda \langle \phi(Y_t, A_t, V_t) \rangle.$$
(3.15)

Ma

$$\langle \phi(X_t, A_t, V_t') \rangle = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \sum_{k=1}^n \sum_{h=1}^m \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \phi(i, j, v') \rangle f_{ij}(t, v) f_{kh}(t, v_*) dv dv_*, \quad (3.16)$$

ed inoltre

$$\langle \phi(X_t, B_t, V_t) \rangle = \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathcal{J}} \phi(x, j, v) \widetilde{P}(t, x, j, v) dj dv$$

$$= \sum_{j=1}^m \sum_{h=1}^m \int_{\mathbb{R}_+} \phi(x, j, v) P(t, x, v; j|h) f_{xh}(t, v) dv$$

$$(3.17)$$

$$\langle \phi(Y_t, A_t, V_t) \rangle = \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathcal{I}} \phi(i, \alpha, v) \widetilde{T}(t, i, \alpha, v) didv$$

$$= \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^n \int_{\mathbb{R}_+} \phi(i, \alpha, v) T(t, \alpha, v; i|k) f_{k\alpha}(t, v) dv.$$
(3.18)

Allora, sostituendo le espressioni (3.16), (3.17) e (3.18) nella (3.15), si ottiene la seguente equazione:

$$\frac{d}{dt}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{m}\int_{\mathbb{R}_{+}}\phi(i,j,v)f_{ij}(t,v)dv = -(\lambda+\eta+\mu)\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{m}\int_{\mathbb{R}_{+}}\phi(i,j,v)f_{ij}(t,v)f_{ij}(t,v)dv
+\mu\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{m}\sum_{k=1}^{n}\sum_{h=1}^{m}\int_{\mathbb{R}_{+}}\int_{\mathbb{R}_{+}}\langle\phi(i,j,v')\rangle f_{ij}(t,v)f_{kh}(t,v_{*})dvdv
+\eta\sum_{j=1}^{m}\sum_{h=1}^{m}\int_{\mathbb{R}_{+}}\phi(x,j,v)P(t,x,v;j|h)f_{xh}(t,v)dv
+\lambda\sum_{i=1}^{n}\sum_{k=1}^{n}\int_{\mathbb{R}_{+}}\phi(i,\alpha,v)T(t,\alpha,v;i|k)f_{k\alpha}(t,v)dv.$$
(3.19)

che vale per ogni $\phi : \mathcal{I} \times \mathcal{J} \times \mathbb{R}_+.$

Scegliendo $\phi(x, \alpha, v) = \psi(x, \alpha)\varphi(v)$, con $\psi(i, j) = 1$ per una certa coppia $(i, j) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J}$ e $\psi(x, \alpha) = 0$ per ogni $(x, \alpha) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J} \setminus \{(i, j)\}$, e tenendo conto della (3.10), si ottiene il seguente sistema di equazioni cinetiche non conservative per le f_{ij} , con $i \in \mathcal{I}$ e $j \in \mathcal{J}$:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) f_{ij}(t, v) dv = \lambda \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) \left(\sum_{k=1}^{n} T(t, j, v; i|k) f_{kj}(t, v) - f_{ij}(t, v) \right) dv
+ \eta \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) \left(\sum_{h=1}^{m} P(t, i, v; j|h) f_{ih}(t, v) - f_{ij}(t, v) \right) dv
+ \mu \sum_{k=1}^{n} \sum_{h=1}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(v') - \varphi(v) \rangle f_{ij}(t, v) f_{kh}(t, v_{*}) dv dv_{*}.$$
(3.20)

Tale sistema di equazioni permette dunque di studiare la variazione nel tempo di caratteristiche macroscopiche di interesse in funzione dello stato microscopico e delle categorie dell'agente.

Scegliendo $\varphi(v) = 1$ ad esempio, si trova l'equazione che descrive come evolve nel tempo la massa ρ_{ij} degli agenti con etichetta $(i, j) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J}$:

$$\frac{d\rho_{ij}}{dt} + (\lambda + \eta)\rho_{ij} = \lambda \sum_{k=1}^{n} \int_{\mathbb{R}_{+}} T(t, j, v; i|k) f_{kj}(t, v) dv + \eta \sum_{h=1}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} P(t, i, v; j|h) f_{ih}(t, v) dv.$$
(3.21)

3.1.4 Casi particolari

Il primo caso che si vuole analizzare è quello in cui la legge di interazione microscopica tra agenti con stessa etichetta e quella tra agenti con etichetta diversa non sono uguali. Allora la variabile aleatoria $V'_t \in \mathbb{R}_+$ può essere espressa come segue:

$$V_t' = \delta_{X_t, Z_t} \delta_{A_t, \Gamma_t} \bar{V}_t' + (1 - \delta_{X_t, Z_t} \delta_{A_t, \Gamma_t}) \tilde{V}_t'.$$

$$(3.22)$$

 \bar{V}'_t e \tilde{V}'_t rappresentano lo stato post-interazione binaria tra due agenti con stessa e diversa etichetta rispettivamente, ed entrambe sono della forma espressa nella (3.3):

$$\bar{V}_t' = \bar{p}V_t + \bar{q}V_t^*, \quad \tilde{V}_t' = \tilde{p}V_t + \tilde{q}V_t^*,$$

dove $\bar{p}, \bar{q}, \tilde{p}, \tilde{q} \in \mathbb{R}_+$ sono coefficienti deterministici o casuali ed indipendenti. Considerando l'espressione di V'_t in (3.22), allora la (3.15) diventa

$$\frac{d}{dt} \langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle = - (\lambda + \eta + \mu) \langle \phi(X_t, A_t, V_t) \rangle + \mu \langle \delta_{X_t, Z_t} \delta_{A_t, \Gamma_t} \phi(X_t, A_t, \bar{V}'_t) \rangle
+ \mu \langle (1 - \delta_{X_t, Z_t} \delta_{A_t, \Gamma_t}) \phi(X_t, A_t, \tilde{V}'_t) \rangle + \eta \langle \phi(X_t, B_t, V_t) \rangle
+ \lambda \langle \phi(Y_t, A_t, V_t) \rangle.$$
(3.23)

Ma

$$\langle \delta_{X_t, Z_t} \delta_{A_t, \Gamma_t} \phi(X_t, A_t, \bar{V}'_t) \rangle = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \phi(i, j, \bar{v}') \rangle f_{ij}(t, v) f_{ij}(t, v_*) dv dv_*, \quad (3.24)$$

e invece

$$\langle (1 - \delta_{X_t, Z_t} \delta_{A_t, \Gamma_t}) \phi(X_t, A_t, \widetilde{V}'_t) \rangle = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \sum_{\substack{k=1\\k \neq i}}^n \sum_{\substack{h=1\\h \neq j}}^m \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \phi(i, j, \widetilde{v}') \rangle f_{ij}(t, v) f_{kh}(t, v_*) dv dv$$

$$+ \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \sum_{\substack{k=1\\k \neq i}}^n \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \phi(i, j, \widetilde{v}') \rangle f_{ij}(t, v) f_{kj}(t, v_*) dv dv_*$$

$$+ \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \sum_{\substack{h=1\\h \neq j}}^m \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \phi(i, j, \widetilde{v}') \rangle f_{ij}(t, v) f_{ih}(t, v_*) dv dv_* ,$$

$$(3.25)$$

dove il primo termine a destra dell'uguale rappresenta l'interazione tra due agenti con entrambe le componenti dell'etichetta diverse, il secondo tra agenti con la prima componente dell'etichetta diversa e la seconda uguale, mentre il terzo termine considera l'interazione tra due agenti con prima componente dell'etichetta uguale e seconda diversa.

Allora, sostituendo le espressioni (3.24), (3.25) e (3.18) nella (3.23), si ottiene la

seguente equazione:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \phi(i,j,v) f_{ij}(t,v) dv &= -(\lambda + \eta + \mu) \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \phi(i,j,v) f_{ij}(t,v) f_{ij}(t,v) dv \\ &+ \mu \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \phi(i,j,\bar{v}') \rangle f_{ij}(t,v) f_{ij}(t,v) dv dv_{*} \\ &+ \mu \Big(\sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \sum_{k=1 \atop k \neq i}^{n} \sum_{l=1}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \phi(i,j,\bar{v}') \rangle f_{ij}(t,v) f_{kh}(t,v_{*}) dv dv_{*} \\ &+ \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \sum_{k=1 \atop k \neq i}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \phi(i,j,\bar{v}') \rangle f_{ij}(t,v) f_{kj}(t,v_{*}) dv dv_{*} \\ &+ \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \sum_{k=1 \atop h \neq j}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \phi(i,j,\bar{v}') \rangle f_{ij}(t,v) f_{ih}(t,v_{*}) dv dv_{*} \Big) \\ &+ \eta \sum_{i=1}^{m} \sum_{j=1}^{m} \sum_{k=1 \atop h \neq j}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \phi(x,j,v) P(t,x,v;j|h) f_{xh}(t,v) dv \\ &+ \lambda \sum_{i=1}^{n} \sum_{k=1}^{n} \int_{\mathbb{R}_{+}} \phi(i,\alpha,v) T(t,\alpha,v;i|k) f_{k\alpha}(t,v) dv. \end{aligned}$$

$$(3.26)$$

che vale per ogni $\phi : \mathcal{I} \times \mathcal{J} \times \mathbb{R}_+$.

Scegliendo $\phi(x, \alpha, v) = \psi(x, \alpha)\varphi(v)$, con $\psi(i, j) = 1$ per una certa coppia $(i, j) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J}$ e $\psi(x, \alpha) = 0$ per ogni $(x, \alpha) \in \mathcal{I} \times \mathcal{J} \setminus \{(i, j)\}$, e tenendo conto della (3.10), si ottiene il seguente sistema di equazioni cinetiche non conservative per le f_{ij} , con $i \in \mathcal{I}$ e $j \in \mathcal{J}$:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) f_{ij}(t, v) dv = \lambda \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) \left(\sum_{k=1}^{n} T(t, j, v; i|k) f_{kj}(t, v) - f_{ij}(t, v) \right) dv
+ \eta \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) \left(\sum_{h=1}^{m} P(t, i, v; j|h) f_{ih}(t, v) - f_{ij}(t, v) \right) dv
+ \mu \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(\vec{v}') - \varphi(v) \rangle f_{ij}(t, v) f_{ij}(t, v) dv dv_{*}
+ \mu \sum_{\substack{k=1 \ k \neq i}}^{n} \sum_{\substack{h=1 \ k \neq i}}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(\vec{v}') - \varphi(v) \rangle f_{ij}(t, v) f_{kh}(t, v_{*}) dv dv_{*}
+ \mu \sum_{\substack{k=1 \ k \neq i}}^{n} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(\vec{v}') - \varphi(v) \rangle f_{ij}(t, v) f_{kj}(t, v_{*}) dv dv_{*}
+ \mu \sum_{\substack{h=1 \ k \neq i}}^{m} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(\vec{v}') - \varphi(v) \rangle f_{ij}(t, v) f_{ih}(t, v_{*}) dv dv_{*}.$$
(3.27)

Il secondo caso in esame vuole esplicitare le equazioni cinetiche che descrivono la dinamica di interazione microscopica solo tra agenti con stessa etichetta, dunque un'interazione tra agenti con diversa etichetta non produce una variazione dello stato microscopico. Sotto questa ipotesi, l'equazione (3.20) diventa:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) f_{ij}(t, v) dv = \lambda \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) \left(\sum_{k=1}^{n} T(t, j, v; i|k) f_{kj}(t, v) - f_{ij}(t, v) \right) dv
+ \eta \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) \left(\sum_{h=1}^{m} P(t, i, v; j|h) f_{ih}(t, v) - f_{ij}(t, v) \right) dv$$

$$+ \mu \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(v') - \varphi(v) \rangle f_{ij}(t, v) f_{ij}(t, v_{*}) dv dv_{*},$$
(3.28)

con $i \in \mathcal{I}$ e $j \in \mathcal{J}$. Per l'espressione di v' si fa riferimento alla (3.3).

3.2 Modello di contagio di una malattia infettiva

Si consideri un sistema in cui ogni agente è definito univocamente attraverso uno stato microscopico $v \in \mathbb{R}_+$ che ne indica la carica virale, ed un'etichetta discreta (x, α) . La prima componente dell'etichetta $x \in \mathcal{I} = \{1, ..., n\}$ identifica lo stato epidemico dell'agente, mentre la seconda $\alpha \in \mathcal{J} = \{1, ..., m\}$ definisce la sottopopolazione sociale di appartenenza.

Poniamo n = 2, e nel nostro modello x = 1 identifica gli individui a cui non è stata ancora diagnosticata l'infezione, mentre x = 2 indica gli individui che sono stati diagnosticati infetti e messi in quarantena. Mentre gli agenti con x = 1 possono interagire con gli altri agenti del sistema e cambiare il proprio stato epidemico ad x = 2 una volta che vengono diagnosticati infetti, gli individui con x = 2 sono posti in isolamento, dunque non interagiscono con altri agenti, ma passano ad x = 1 una volta che la loro carica virale è sufficientemente bassa tale da ritenerli guariti.

Per quanto riguarda la seconda componente dell'etichetta, essa può discriminare la popolazione in gruppi diversi per caratteristiche sociali, territoriali o anagrafiche. Si pensi ad esempio di dividere la popolazione in 3 fasce d'età, dunque m = 3, diverse per caratteristiche sociali di interazione e fragilità rispetto all'infezione: $\alpha = 1$ rappresenta la fascia giovane (0-30), $\alpha = 2$ rappresenta la popolazione adulta (30-60), mentre $\alpha = 3$ indica la popolazione anziana (60-100).

Supponiamo che ogni individuo non possa modificare il proprio gruppo sociale di appartenenza, in quanto tale cambio di etichetta avviene su una scala temporale più lenta rispetto a quello dello stato epidemico ed alle interazioni binarie. Supponiamo inoltre che agenti appartenenti a fasce d'età diversa possano interagire e modificare dunque il proprio stato microscopico v.

Le probabilità di transizione che definiscono il processo di Markov di cambio di

etichetta sono:

$$T(t, v, \alpha; 1|1) = 1 - \gamma(v), \quad T(t, v, \alpha; 2|1) = \gamma(v),$$

$$T(t, v, \alpha; 1|2) = \zeta(v), \qquad T(t, v, \alpha; 2|2) = 1 - \zeta(v),$$

$$P(t, v, x; \alpha|\beta) = 0,$$

(3.29)

dove $0 \leq \gamma(v), \zeta(v) \leq 1$ sono rispettivamente le probabilità che un individuo con carica virale v sia diagnosticato infetto e quarantenato, e dichiarato guarito e riammesso nella società. Tali probabilità le assumiamo indipendenti dal tempo ed inoltre γ è non-decrescente e ζ è non-crescente in v. E' chiaro infatti che al crescere della carica virale la probabilità di essere quarantenato aumenti, mentre quella di guarire ed essere riammesso in società diminuisce.

Si noti che, in prima approssimazione, le probabilità di transizione T non dipendono dal gruppo sociale α . Il diverso decorrere dell'infezione in funzione della fascia d'età dell'agente considerato, si concretizza invece nella legge di interazione microscopica. Nel nostro modello sarà dunque la dinamica che descrive la carica virale a dipendere dalla sottopopolazione di appartenenza, e non la probabilità di identificare i soggetti contagiati o quella di riammetterli nella società perchè guariti.

Per quanto riguarda le leggi di interazione microscopica, iniziamo con il considerare gli agenti con etichetta epidemica x = 2, cioè quelli in isolamento. Essi possono solo guarire dall'infezione e non interagiscono con gli altri agenti del sistema, dunque:

$$v'_{2,j} = (1 - \epsilon_j + \xi)v, \qquad j \in \mathcal{J}, \tag{3.30}$$

dove il pedice 2, j sta ad indicare che la (3.30) è la legge che descrive lo stato microscopico v di un agente con stato epidemico x = 2, cioè quarantenato, e appartenente al gruppo sociale j. Inoltre $\epsilon_j \in (0, 1)$ è il tasso di guarigione e dipende dalla sottopopolazione j, mentre $\xi \in (\min_{j \in \mathcal{J}} \epsilon_j - 1, +\infty)$ è una variabile aleatoria a media nulla che rappresenta le fluttuazioni stocastiche della carica virale.

Lo stato microscopico degli agenti con x = 1 invece, può variare a causa dell'interazione binaria con un altro agente con stato v_* :

$$v'_{1,jh} = (1 - \nu_j + \sigma)v + \kappa_h v_*, \qquad j,h \in \mathcal{J}.$$

$$(3.31)$$

In questo caso, il pedice 1, jh indica che la legge (3.31) descrive lo stato post-interazione di un agente non quarantenato ed appartenente alla sottopopolazione j che interagisce con un agente della classe h, il quale è anch'esso non ancora dichiarato infetto e dunque libero di interagire con gli altri agenti del sistema. I coefficienti $\nu_j, \kappa_h \in (0, 1)$ sono i tassi di scambio tra gli individui che determinano la dinamica di contagio: il primo dipende dall'agente appartenente alla classe j che riceve, dunque rappresenta la sua guarigione spontanea, mentre il secondo dall'agente nella classe h che potenzialmente trasmette l'infezione. Infine, $\sigma \in (\min_{j \in \mathcal{J}} \nu_j - 1, +\infty)$ è una variabile aleatoria centrata (a media nulla) che rappresenta le fluttuazioni stocastiche della carica virale.

I diversi gruppi sociali inoltre, si possono immaginare come organizzati su una rete di contatti. Immaginiamo un grafo i cui nodi rappresentano i 3 gruppi sociali α, β, δ considerati, ed il peso w_{jh} su ogni arco indica la probabilità che un individuo appartenente alla sottopopolazione j venga in contatto con un individuo della sottopopolazione h.



La matrice dei pesi W è simmetrica per definizione, e vale $\sum_{h \in \mathcal{J}} w_{jh} = 1$, con $j \in \mathcal{J}$.

La diversa probabilità di incontro a seconda del gruppo sociale si concretizza nella frequenza di interazione μ . Secondo la definizione frequentista della probabilità infatti, è possibile approssimare tale frequenza teorica con la probabilità esatta che l'interazione avvenga. Dunque la frequenza di interazione tra due agenti appartenenti alla fascia sociale j ed h rispettivamente, sarà

$$\mu_{jh} = w_{jh}, \quad j,h \in \mathcal{J},$$

con $\mu_{jh} \in [0, 1]$, cioè tale parametro indica quanto due classi sociali sono in contatto. Infatti per $\mu_{jh} = 1$ si ha che gli agenti appartenenti alle classi j ed h interagiscono con probabilità uguale ad 1, cioè con la massima frequenza di interazione possibile.

A questo punto, dalla (3.20) possiamo ricavare le equazioni per le funzioni di distribuzione f_{ij} , con $i \in \mathcal{I}, j \in \mathcal{J}$.

Avendo supposto che ogni individuo non cambi gruppo sociale nel corso della dinamica, per la seconda componente dell'etichetta il processo di salto non avviene, dunque in questo caso il secondo termine a destra dell'uguale nella (3.20) non c'è.

Per quanto riguarda gli agenti con stato epidemico x = 1, cioè quelli non dichiarati infetti, essi possono interagire con agenti appartenenti alla propria e a diverse classi sociali, e passare ad etichetta x = 2 se dichiarati infetti, dunque in questo caso la (3.20) per ogni $j \in \mathcal{J}$ diventa:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) f_{1j}(t, v) dv = \lambda \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) (\zeta(v) f_{2j}(t, v) - \gamma(v) f_{1j}(t, v)) dv
+ \mu_{jj} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(v'_{1, jj}) - \varphi(v) \rangle f_{1j}(t, v) f_{1j}(t, v_{*}) dv dv_{*}
+ \sum_{h \in \mathcal{J} \setminus \{j\}} \mu_{jh} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(v'_{1, jh}) - \varphi(v) \rangle f_{1j}(t, v) f_{1h}(t, v_{*}) dv dv_{*}
= \lambda \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) (\zeta(v) f_{2j}(t, v) - \gamma(v) f_{1j}(t, v)) dv
+ \sum_{h \in \mathcal{J}} \mu_{jh} \int_{\mathbb{R}_{+}} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(v'_{1, jh}) - \varphi(v) \rangle f_{1j}(t, v) f_{1h}(t, v_{*}) dv dv_{*}.$$
(3.32)

Gli agenti quarantenati invece, cioè quelli con prima componente dell'etichetta uguale a 2, possono essere riammessi nella società e passare ad x = 1 una volta guariti, ed essendo posti in isolamento non interagiscono con gli altri agenti del sistema, dunque la (3.20) in questo caso diventa:

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) f_{2j}(t, v) dv = \lambda \int_{\mathbb{R}_{+}} \varphi(v) (\gamma(v) f_{1j}(t, v) - \zeta(v) f_{2j}(t, v)) dv
+ \tilde{\mu} \int_{\mathbb{R}_{+}} \langle \varphi(v'_{2,j}) - \varphi(v) \rangle f_{2j}(t, v) dv, \qquad j \in \mathcal{J}.$$
(3.33)

dove $\tilde{\mu}$ è la frequenza con cui si aggiorna la legge microscopica della carica virale.

3.2.1 Probabilità di transizione costanti e dinamiche su stessa scala temporale

Per una prima analisi del modello descritto dalle equazioni (3.32)-(3.33), consideriamo il caso più semplice in cui le probabilità di transizione non dipendono dallo stato microscopico v, dunque $\gamma \in \zeta$ sono costanti.

Assumiamo inoltre che la dinamica di interazione e quella di cambio di etichetta avvengano sulla stessa scala temporale:

$$\lambda = \mu_{jh} = \widetilde{\mu} = 1, \quad j, h \in \mathcal{J}$$

Si noti come ponendo $\mu_{jh} = 1 \ \forall j, h \in \mathcal{J}$ si sta implicitamente dicendo che tutti gli agenti di ogni fascia sociale entrano in contatto con probabilità uguale ad 1.

Scegliendo $\varphi(v) = 1$ e $\varphi(v) = v$ nelle equazioni (3.32)-(3.33), ed usando le leggi di interazione espresse nelle (3.30)-(3.31), si ottiene il seguente sistema di equazioni che descrive l'evoluzione nel tempo del momento di ordine zero ed uno delle distribuzioni

 $f_{1j} \in f_{2j}$, con $j \in \mathcal{J}$:

$$\frac{d\rho_{1j}}{dt} = -\gamma\rho_{1j} + \zeta\rho_{2j} \tag{3.34}$$

$$\frac{d\rho_{2j}}{dt} = \gamma \rho_{1j} - \zeta \rho_{2j} \tag{3.35}$$

$$\frac{d}{dt}(\rho_{1j}m_{1j}) = \zeta \rho_{2j}m_{2j} - \gamma \rho_{1j}m_{1j} + \sum_{h \in \mathcal{J}} \rho_{1j}\rho_{1h}(\kappa_h m_{1h} - \nu_j m_{1j})$$
(3.36)

$$\frac{d}{dt}(\rho_{2j}m_{2j}) = \gamma \rho_{1j}m_{1j} - (\zeta + \epsilon_j)\rho_{2j}m_{2j}, \qquad (3.37)$$

dove $m_{ij}(t) = \frac{1}{\rho_{ij}(t)} \int_{\mathbb{R}_+} v f_{ij}(t, v) dv$. Dunque dallo studio di queste equazioni è possibile ricavare l'evoluzione nel tempo di quantità macroscopiche di interesse, quali la massa degli agenti e la carica virale media.

La massa totale degli agenti del sistema si definisce come

$$\rho(t) = \sum_{i \in \mathcal{I}} \sum_{j \in \mathcal{J}} \rho_{ij}(t).$$

Derivando tale quantità nel tempo e tenendo conto delle equazioni (3.34) e (3.35), si ha che la massa totale degli agenti nel sistema si conserva nel tempo.

Definiamo ora la massa della popolazione di ogni gruppo sociale $j \in \mathcal{J}$ come segue:

$$\rho_j(t) = \sum_{i \in \mathcal{I}} \rho_{ij}(t).$$

Ragionando come fatto in precedenza per la massa totale degli agenti del sistema, dalle equazioni (3.34) e (3.35) si ottiene che la massa di ogni sottopopolazione $j \in \mathcal{J}$ si conserva nel tempo. Tale risultato è concorde con l'ipotesi modellistica per cui ogni individuo non modifica nel tempo la fascia d'età di appartenenza.

Analizziamo ancora la massa degli agenti non diagnosticati infetti ρ_1 e quella degli agenti in isolamento ρ_2 , senza considerare la divisione in classi sociali:

$$\rho_i(t) = \sum_{j \in \mathcal{J}} \rho_{ij}(t), \quad i \in \mathcal{I}.$$

Risolvendo le equazioni (3.34) e (3.35), insieme alla condizione iniziale naturale per cui al tempo t = 0 tutti gli individui risultano non ancora diagnosticati infetti, cioè:

$$\rho_1(0) = \sum_{j \in \mathcal{J}} \rho_{1j}(0) = 1$$

$$\rho_2(0) = \sum_{j \in \mathcal{J}} \rho_{2j}(0) = 0,$$
(3.38)

si ha che:

$$\rho_1(t) = \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} \left(1 + \frac{\gamma}{\zeta} e^{-(\gamma + \zeta)t} \right), \quad \rho_2(t) = \frac{\gamma}{\gamma + \zeta} \left(1 - e^{-(\gamma + \zeta)t} \right). \tag{3.39}$$

Poiché siamo interessati a valutare la soluzione per tempi lunghi, facendo il limite per $t \to +\infty$, si ottiene

$$\rho_1^{\infty} = \frac{\zeta}{\gamma + \zeta}, \quad \rho_2^{\infty} = \frac{\gamma}{\gamma + \zeta}.$$
(3.40)

Tale risultato mostra che si avrà sempre una frazione della popolazione posta in isolamento, e questo sopratutto perché abbiamo posto le probabilità di transizione costanti. Tale isolamento potrebbe però risultare fittizio, in quanto al limite si potrebbe avere una carica virale nulla, cioè tale popolazione in quarantena risulta guarita ma non riesce a passare all'etichetta epidemica x = 1.

Consideriamo infine la massa $\rho_{1j} \in \rho_{2j}$ degli agenti non diagnosticati infetti e posti in isolamento rispettivamente, fissando anche la classe sociale $j \in \mathcal{J}$. In questo caso è necessario fissare la condizione iniziale $\rho_{1j}(0)$ per ogni classe sociale $j \in \mathcal{J}$, ricordando dalla (3.38) che vale $\rho_1(0) = \sum_{j \in \mathcal{J}} \rho_{1j}(0) = 1$.

Allora, risolvendo le equazioni (3.34)-(3.35), si ottiene $\forall j \in \mathcal{J}$:

$$\rho_{1j}(t) = \frac{\zeta \rho_{1j}(0)}{\gamma + \zeta} \left(1 + \frac{\gamma}{\zeta} e^{-(\gamma + \zeta)t} \right), \quad \rho_{2j}(t) = \frac{\gamma \rho_{1j}(0)}{\gamma + \zeta} \left(1 - e^{-(\gamma + \zeta)t} \right). \tag{3.41}$$

E facendo il limite per $t \to +\infty$, si ha:

$$\rho_{1j}^{\infty} = \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} \rho_{1j}(0), \quad \rho_{2j}^{\infty} = \frac{\gamma}{\gamma + \zeta} \rho_{1j}(0), \qquad j \in \mathcal{J}.$$
(3.42)

Come ci aspettavamo, poiché la dinamica all'interno di ogni classe sociale j è la stessa a meno di parametri, il risultato è analogo al caso precedente in cui si analizzava la massa $\rho_1 e \rho_2$ degli agenti senza discriminare ulteriormente in sottopopolazioni, e per tempi lunghi la massa degli agenti in ogni gruppo sarà proporzionale alla frazione di individui presenti al tempo t = 0.

Dopo aver studiato la massa, le equazioni (3.36) e (3.37) forniscono l'evoluzione di un'altra quantità macroscopica, quale la carica virale media m_{ij} degli agenti appartenenti alla classe sociale j e con stato epidemico i.

Usando le equazioni (3.34)-(3.35), le (3.36)-(3.37) si riscrivono come segue:

$$\frac{dm_{1j}}{dt} = -\zeta \frac{\rho_{2j}}{\rho_{1j}} m_{1j} + \zeta \frac{\rho_{2j}}{\rho_{1j}} m_{2j} - \nu_j m_{1j} \rho_1 + \sum_{h \in \mathcal{J}} \rho_{1h} \kappa_h m_{1h}
\frac{dm_{2j}}{dt} = \gamma \frac{\rho_{1j}}{\rho_{2j}} m_{1j} - \epsilon_j m_{2j} - \gamma \frac{\rho_{1j}}{\rho_{2j}} m_{2j}, \quad j \in \mathcal{J}.$$
(3.43)

Volendo studiare tali quantità per tempi lunghi, è lecito approssimare $\rho_1 \approx \rho_1^{\infty}$, $\rho_{1j} \approx$

 $\rho_{1j}^{\infty} \in \rho_{2j} \approx \rho_{2j}^{\infty}$, considerando anche che tali valori asintotici sono raggiunti esponenzialmente.

Allora utilizzando le espressioni di ρ_1^{∞} , $\rho_{1j}^{\infty} \in \rho_{2j}^{\infty}$ ricavate nella (3.40) e nella (3.42), le equazioni in (3.43) diventano:

$$\frac{dm_{1j}}{dt} = -\gamma m_{1j} + \gamma m_{2j} - \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} \nu_j m_{1j} + \sum_{h \in \mathcal{J}} \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} \rho_{1h}(0) \kappa_h m_{1h}$$

$$= -\gamma m_{1j} + \gamma m_{2j} + \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} m_{1j} (k_j \rho_{1j}(0) - \nu_j) + \sum_{h \in \mathcal{J} \setminus \{j\}} \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} \rho_{1h}(0) \kappa_h m_{1h}$$
(3.44)
$$\frac{dm_{2j}}{dm_{2j}} = -\gamma m_{1j} + \gamma m_{2j} + \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} m_{1j} (k_j \rho_{1j}(0) - \nu_j) + \sum_{h \in \mathcal{J} \setminus \{j\}} \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} \rho_{1h}(0) \kappa_h m_{1h}$$

$$\frac{am_{2j}}{dt} = \zeta m_{1j} - (\zeta + \epsilon_j)m_{2j}, \quad j \in \mathcal{J}.$$
(3.45)

E' interessante studiare la stabilità della configurazione di equilibrio $m_{1j}^{\infty} = m_{2j}^{\infty} = 0$, che corrisponde ad una carica virale media nulla per tutti gli agenti di ogni gruppo sociale considerato ed indipendentemente dallo stato epidemico, dunque ad una completa eliminazione dell'infezione dalla popolazione.

Definiamo allora le cariche virali medie m_i degli individui non ancora diagnosticati infetti e di quelli quarantenati, senza distinguere tra le fasce sociali:

$$m_i(t) = \sum_{j \in \mathcal{J}} m_{ij}(t), \quad i \in \mathcal{I}.$$

Si noti che studiare la configurazione in cui le m_{ij} sono nulle equivale a studiare la configurazione in cui si annullano le m_i , in quanto le m_{ij} sono tutte quantità non negative per definizione.

Le equazioni che descrivono l'evoluzione temporale della carica virale media della sottopopolazione libera di interagire e di quella quella posta in isolamento, si ottengono dunque sommando su tutti i gruppi sociali j le equazioni (3.44) e (3.45):

$$\frac{dm_1}{dt} = \gamma(m_2 - m_1) + \sum_{j \in \mathcal{J}} (3\kappa_j \rho_{1j}(0) - \nu_j) \frac{\zeta}{\gamma + \zeta} m_{1j}$$

$$\frac{dm_2}{dt} = \zeta(m_1 - m_2) - \sum_{j \in \mathcal{J}} \epsilon_j m_{2j}, \quad j \in \mathcal{J}.$$
(3.46)

Al fine di studiare la stabilità della configurazione asintotica di equilibrio $m_1^{\infty} = m_2^{\infty} = 0$ si considerino i tassi di scambio di carica virale uguali per tutte le classi sociali, cioè $\nu_j = \nu, \kappa_j = k, \epsilon_j = \epsilon$ per ogni $j \in \mathcal{J}$. Si assuma inoltre che $\rho_{1j}(0) = 1 \quad \forall j \in \mathcal{J}$, ipotesi realistica se si interpreta la densità ρ_{1j} come percentuale di individui liberi di interagire per classe sociale, dunque si sta ipotizzando che, indipendentemente dal numero assoluto di individui in ciascuna classe j, al tempo t = 0 la totalità degli individui in quella classe è non quarantenato. Sotto tali ipotesi, il sistema di equazioni (3.46) scritto in forma matriciale risulta allora:

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} m_1 \\ m_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\gamma + (3\kappa - \nu)\frac{\zeta}{\gamma + \zeta} & \gamma \\ \zeta & -(\zeta + \epsilon) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} m_1 \\ m_2 \end{pmatrix}$$
(3.47)

La stabilità della configurazione di equilibrio in assenza di infezione $(m_1^{\infty}, m_2^{\infty}) = (0, 0)$ verrà studiata in due scenari particolari.

Nel primo caso consideriamo $\nu = 3\kappa$, cioè il tasso di guarigione spontanea è pari al tasso di contagio. Si noti che il tasso di contagio è proporzionale a κ , ed in particolare in questo caso vale 3κ in quanto per ipotesi modellistica la popolazione è stata suddivisa in 3 gruppi distinti per fascia d'età.

Andando a valutare la traccia ed il determinante della matrice del sistema in (3.47) si ha che l'equilibrio $(m_1^{\infty}, m_2^{\infty}) = (0, 0)$ è globalmente asintoticamente stabile per $\gamma > 0$. Questo vuol dire che è possibile eradicare l'infezione introducendo una minima azione di isolamento. Tuttavia, da tale parametro dipende la velocità con cui si converge all'equilibrio in assenza di infezione. Infatti per $\gamma \to 0^+$ gli autovalori del sistema (3.47) si approssimano come segue:

$$\lambda_1 = -(\zeta + \epsilon) + o(1), \quad \lambda_2 = -\frac{\gamma \epsilon}{\zeta + \epsilon} + o(\gamma)$$

Da cui, guardando all'espressione di λ_2 , segue che la convergenza sarebbe molto lenta.

Consideriamo ora il caso in cui $\nu = 0$ e $\kappa > 0$, dunque non si ha guarigione spontanea ed a seguito di un'interazione l'individuo può solo infettarsi. Si noti che nel caso in cui si consideri la sola dinamica di interazione microscopica senza quella di cambio di etichetta, cioè $\gamma = \zeta = 0$, in questo caso $\langle p + q \rangle = 1 + \kappa > 1$, e per quanto visto nella sezione 3.1.1 la carica virale media cresce esponenzialmente. Introducendo la dinamica di quarantena, con gli stessi risultati di stabilità lineare utilizzati in precedenza, possiamo dire invece che la carica virale tende a 0 per

$$\gamma > \bar{\gamma} := \max\left\{\max\left\{0, \frac{-(2\zeta + \epsilon) + \sqrt{\epsilon^2 + 12\kappa\zeta}}{2}\right\}, \frac{-\zeta + \sqrt{\zeta^2(1 + \frac{12\kappa}{\epsilon}) + 12\kappa\zeta}}{2}\right\}.$$
(3.48)

Dunque sotto tali ipotesi l'infezione viene eradicata solo se all'aumentare del tasso di contagio κ aumenta anche la probabilità γ , cioè deve esserci una maggiore tempestività nell'individuare gli agenti infetti e porli in isolamento.

Definiamo ora la carica virale media del gruppo sociale $j \in \mathcal{J}$, non distinguendo tra gli individui quarantenati e non quarantenati, come

$$m_j(t) = \sum_{i \in \mathcal{I}} m_{ij}(t),$$

la cui evoluzione nel tempo è data dalla somma delle (3.36)-(3.37):

$$\frac{dm_j}{dt} = \left(-\zeta \frac{\rho_{2j}}{\rho_{1j}} - \nu_j \rho_1 + \gamma \frac{\rho_{1j}}{\rho_{2j}}\right) m_{1j} + \left(\zeta \frac{\rho_{2j}}{\rho_{1j}} - \epsilon_j - \gamma \frac{\rho_{1j}}{\rho_{2j}}\right) m_{2j} + \sum_{h \in \mathcal{J}} \rho_{1h} \kappa_h m_{1h}$$
(3.49)

Si osservi come non sia possibile studiare la dinamica della carica virale media di ogni gruppo sociale m_j indipendentemente dalla dinamica delle quantità $m_{1j} \in m_{2j}$, per cui risulta necessario aver prima risolto il sistema in (3.43).

E' possibile però studiare il comportamento di m_j per tempi lunghi, valutando la (3.49) nella configurazione di equilibrio $(m_{1j}^{\infty}, m_{2j}^{\infty}) = (0, 0)$, la cui stabilità è stata discussa in alcuni casi semplici. Dunque dai risultati precedenti possiamo affermare che, nel caso in cui $\nu = 3\kappa$ e per $\gamma > 0$, la carica virale media m_j , per ogni $j \in \mathcal{J}$, tende ad un valore costante, che è proprio zero. Risultato analogo si ottiene ponendo $\nu = 0, \kappa > 0$ e $\gamma > \overline{\gamma}$.

Infine, si osservi che tale analisi sulla configurazione di equilibrio in assenza di infezione è stata sviluppata sotto l'ipotesi di tassi di scambio di carica virale uguali per tutte le classi sociali considerate. Questo significa che non vi è alcuna differenziazione tra le classi nella dinamica microscopica di infezione, dunque è come se si stesse considerando un'unica popolazione, non divisa in classi.

Se si vuole studiare il problema con coefficienti di scambio che dipendano effettivamente dal gruppo sociale è necessario mettersi sotto ipotesi di regimi particolari, come ad esempio quello in cui le interazioni avvengono su scala temporale più veloce rispetto alla dinamica di cambio di stato di isolamento. Tale ipotesi risulta realistica se si pensa che il processo di cambio di stato epidemico dell'individuo avviene per mezzo di un'azione di verifica, mediante tampone ad esempio, mentre le interazioni tra gli individui non sono soggette ad alcuna limitazione, se non imposta da regole ben precise.

Questa ipotesi è quella che in teoria cinetica classica è nota come ipotesi del regime idrodinamico. Nella teoria dei gas e fluidi, il regime idrodinamico è quello in cui le collisioni tra le molecole sono molto più frequenti in tempo rispetto al fenomeno di trasporto dovuto al flusso, permettendo quindi di considerare localmente in equilibrio le interazioni tra le molecole e dunque a livello macroscopico guardare solo alla parte di trasporto fluidodinamico dovuta al flusso.

3.2.2 Probabilità di transizione non costanti, dinamica su due scale temporali diverse e regime idrodinamico

Studiamo ora il modello descritto dalle equazioni (3.32)-(3.33) nel caso in cui le probabilità $\gamma \in \zeta$ non sono costanti.

Come precedentemente evidenziato, è interessante analizzare cosa accade sotto ipotesi di regime idrodinamico in cui le interazioni binarie tra gli agenti e la dinamica di cambio di etichetta non avvengono sulla stessa scala temporale. Ponendo

$$\lambda = \delta, \quad \mu_{jh} = O(1),$$

con $j, h \in \mathcal{J}$ e $0 < \delta \ll 1$, abbiamo supposto che le interazioni tra due agenti appartenenti alla classe sociale j ed h rispettivamente, siano molto più frequenti rispetto al cambio dell'etichetta che ne descrive lo stato epidemico.

Possiamo dividere la (3.32) in due contributi come segue:

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f_{1j}(t,v) dv &= \delta \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) (\zeta(v) f_{2j}(t,v) - \gamma(v) f_{1j}(t,v)) dv \\ \frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f_{1j}(t,v) dv &= \sum_{h \in \mathcal{J}} \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \varphi(v'_{1,jh}) - \varphi(v) \rangle f_{1j}(t,v) f_{1h}(t,v_*) dv dv_*, \quad j \in \mathcal{J}. \end{aligned}$$

Introducendo una nuova scala temporale

 $\tau := \delta t$

più lenta rispetto alla scala temporale t, e definendo $\tilde{f}_{1j}(\tau, v) := f_{1j}(t, v)$ e $\tilde{f}_{2j}(\tau, v) := f_{2j}(t, v)$, le equazioni di cui sopra si riscrivono come:

$$\frac{d}{d\tau} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) \widetilde{f}_{1j}(\tau, v) dv = \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) (\zeta(v) \widetilde{f}_{2j}(\tau, v) - \gamma(v) \widetilde{f}_{1j}(\tau, v)) dv$$
(3.50a)

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f_{1j}(t,v) dv = \sum_{h \in \mathcal{J}} \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \varphi(v'_{1,jh}) - \varphi(v) \rangle f_{1j}(t,v) f_{1h}(t,v_*) dv dv_* \quad (3.50b)$$

Allo stesso modo, anche la (3.33) può essere riscritta come:

$$\frac{d}{d\tau} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) \widetilde{f}_{2j}(\tau, v) dv = \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) (\gamma(v) \widetilde{f}_{1j}(\tau, v) - \zeta(v) \widetilde{f}_{2j}(\tau, v)) dv$$
(3.51a)

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f_{2j}(t, v) dv = \int_{\mathbb{R}_+} \langle \varphi(v'_{2,j}) - \varphi(v) \rangle f_{2j}(t, v) dv.$$
(3.51b)

Il primo caso che analizziamo è quello in cui non si considera la divisione in fasce sociali, la cui dinamica è ottenuta sommando su $j \in \mathcal{J}$ le equazioni cinetiche (3.50a)-(3.50b) e le (3.51a)-(3.51b).

Indicando con $\tilde{f}_1(\tau, v) := \sum_{j \in \mathcal{J}} \tilde{f}_{1j}(\tau, v)$ e $f_1(t, v) := \sum_{j \in \mathcal{J}} f_{1j}(t, v)$ la funzione di distribuzione degli agenti non ancora diagnosticati infetti, e con $\tilde{f}_2(\tau, v) := \sum_{j \in \mathcal{J}} \tilde{f}_{2j}(\tau, v)$ e $f_2(t, v) := \sum_{j \in \mathcal{J}} f_{2j}(t, v)$ quella degli agenti posti in isolamento, allora dalle (3.50a)-(3.50b) si ha:

$$\frac{d}{d\tau} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) \widetilde{f}_1(\tau, v) dv = \sum_{j \in \mathcal{J}} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) (\zeta(v) \widetilde{f}_{2j}(\tau, v) - \gamma(v) \widetilde{f}_{1j}(\tau, v)) dv \qquad (3.52a)$$

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f_1(t, v) dv = \sum_{j \in \mathcal{J}} \sum_{h \in \mathcal{J}} \int_{\mathbb{R}_+} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \varphi(v'_{1,jh}) - \varphi(v) \rangle f_{1j}(t, v) f_{1h}(t, v_*) dv dv_*$$
(3.52b)

La dinamica di interazione descritta dalle (3.52b) raggiunge l'equilibrio più rapidamente rispetto alla dinamica di cambio di etichetta, descritta sulla scala temporale più lenta τ .

E' interessante studiare tale equilibrio sulla scala temporale t quando $\nu_j = \kappa_j \ \forall j \in \mathcal{J}$: in questo caso la massa ρ_1 degli agenti non ancora diagnosticati infetti si conserva nel tempo, così come la loro carica virale media m_1 . Allora la distribuzione asintotica prodotta dalla (3.52b) si può esprimere in funzione di queste due quantità macroscopiche sulla scala temporale τ nel modo seguente [30]:

$$\frac{\rho_1(\tau)}{m_1(\tau)}g_1\Big(\frac{v}{m_1(\tau)}\Big),$$

dove $g_1 : \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}_+$ soddisfa le seguenti condizioni:

$$\int_{\mathbb{R}_+} g_1(v) dv = 1, \quad \int_{\mathbb{R}_+} v g_1(v) dv = 1.$$

Allo stesso modo, sommando su $j \in \mathcal{J}$ le (3.51a)-(3.51b), si ha:

$$\frac{d}{d\tau} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) \widetilde{f}_2(\tau, v) dv = \sum_{j \in \mathcal{J}} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) (\gamma(v) \widetilde{f}_{1j}(\tau, v) - \zeta(v) \widetilde{f}_{2j}(\tau, v)) dv$$
(3.53a)

$$\frac{d}{dt} \int_{\mathbb{R}_+} \varphi(v) f_2(t, v) dv = \sum_{j \in \mathcal{J}} \int_{\mathbb{R}_+} \langle \varphi(v'_{2,j}) - \varphi(v) \rangle f_{2j}(t, v) dv.$$
(3.53b)

In questo caso la distribuzione *t*-asintotica prodotta dalla (3.53b) la denotiamo con $\rho_2(\tau)g_2(v)$, con $g_2: \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}_+$ che soddisfa

$$\int_{\mathbb{R}_+} g_2(v) dv = 1,$$

in quanto, a differenza del caso precedente, la dinamica di interazione degli agenti quarantenati in (3.30) conserva solo la massa.

Quindi le distribuzioni \tilde{f}_1 e \tilde{f}_2 possono essere espresse, sulla scala temporale τ , come

$$\tilde{f}_1(\tau, v) = \frac{\rho_1(\tau)}{m_1(\tau)} g_1\left(\frac{v}{m_1(\tau)}\right), \quad \tilde{f}_2(\tau, v) = \rho_2(\tau) g_2(v).$$
(3.54)

Sostituendo tali espressioni nella (3.52a) e nella (3.53a), ponendo $\varphi(v) = 1$ e $\varphi(v) = v$,

e ricordando che $\rho_2 = 1 - \rho_1$, si ottiene il seguente sistema che descrive l'evoluzione delle quantità macroscopiche ρ_1 , ρ_2 e m_1 sulla scala temporale τ :

$$\begin{cases} \frac{d\rho_1}{d\tau} = \rho_2 \Big(\int_{\mathbb{R}_+} \zeta(v) g_2(v) dv \Big) - \rho_1 \Big(\int_{\mathbb{R}_+} \gamma(m_1 v) g_1(v) dv \Big) \\ \rho_2 = 1 - \rho_1 \\ \frac{d}{d\tau} (\rho_1 m_1) = \rho_2 \Big(\int_{\mathbb{R}_+} v \zeta(v) g_2(v) dv \Big) - \rho_1 m_1 \Big(\int_{\mathbb{R}_+} v \gamma(m_1 v) g_1(v) dv \Big) \end{cases}$$
(3.55)

Guardando alla (3.30), in questo caso $\langle p+q \rangle = 1 - \epsilon_j < 1$, dunque la carica virale media m_{2j} degli agenti appartenenti alla classe j e posti in isolamento tende asintoticamente nel tempo al valore 0, e tale risultato segue da quanto visto nella sezione 3.1.1. Allora anche $m_2 = \sum_{j \in \mathcal{J}} m_{2j}$ tende a zero, e dunque dalla (3.53b) si ha $g_2(v) = \delta(v)$. Quindi le equazioni in (3.55) diventano:

$$\begin{cases} \frac{d\rho_1}{d\tau} = \zeta(0)(1-\rho_1) - \rho_1 \Big(\int_{\mathbb{R}_+} \gamma(m_1 v) g_1(v) dv \Big) \\ \frac{d}{d\tau} (\rho_1 m_1) = -\rho_1 m_1 \Big(\int_{\mathbb{R}_+} v \gamma(m_1 v) g_1(v) dv \Big), \end{cases}$$
(3.56)

i cui equilibri sono dati da:

$$\zeta(0) - \rho_1^{\infty} \Big(\zeta(0) + \int_{\mathbb{R}_+} \gamma(m_1^{\infty} v) g_1(v) dv \Big) = 0,$$
$$\rho_1^{\infty} m_1^{\infty} \Big(\int_{\mathbb{R}_+} v \gamma(m_1^{\infty} v) g_1(v) dv \Big) = 0.$$

Supponendo $\zeta(0) > 0$, allora dalla prima equazione si ha che $\rho_1^{\infty} > 0$. Si assuma inoltre che la mappa $v \mapsto \gamma(v)$ sia strettamente crescente e che $\gamma(0) = 0$, allora:

$$\int_{\mathbb{R}_+} v\gamma(m_1^{\infty}v)g_1(v)dv \ge \gamma\left(\frac{m_1^{\infty}}{2}\right)\int_{\frac{1}{2}}^{+\infty} vg_1(v)dv,$$

ed inoltre, considerando le proprietà di g_1 si ha:

$$\int_{\frac{1}{2}}^{+\infty} v g_1(v) dv = \int_{\mathbb{R}_+} v g_1(v) dv - \int_0^{\frac{1}{2}} v g_1(v) dv \ge 1 - \frac{1}{2} \int_0^{\frac{1}{2}} g_1(v) dv \ge \frac{1}{2}.$$

Allora dalla seconda equazione, considerando che l'integrale non si annulla se $m_1^{\infty} > 0$ e che $\rho_1^{\infty} > 0$, si ha che $m_1^{\infty} = 0$.

In conclusione, abbiamo ottenuto che per $\gamma \in \zeta$ non costanti, nel caso in cui le interazioni binarie siano più frequenti del cambio di etichetta, e per tassi di scambio $\nu_j = \kappa_j$ per ogni $j \in \mathcal{J}$, si ha:

$$\rho_1^{\infty} = 1, \quad m_1^{\infty} = 0. \tag{3.57}$$

Tale risultato mostra come per tempi lunghi la quarantena porti alla guarigione di tutta la popolazione con stato epidemico x = 1, in quanto la carica virale media m_1^{∞} è pari

a 0.

Inoltre, ricordando la condizione iniziale naturale per cui al tempo $\tau = 0$ tutti gli agenti hanno stato epidemico x = 1, cioè $\rho_1(0) = 1$, si ha che:

$$\rho_2^{\infty} = 1 - \rho_1^{\infty} = 0.$$

cioè per tempi lunghi, oltre ad una completa guarigione della popolazione, non si avranno individui in isolamento.

Introduciamo ora la distinzione in fasce sociali, e caratterizziamo l'equilibrio sulla scala veloce t, cioè considerando la sola dinamica di interazione descritta dall'equazione cinetica (3.50b) senza quella di cambio di etichetta.

Per prima cosa, si noti che a differenza di quanto accadeva nel caso precedente in cui non si considerava la divisione in gruppi sociali, mentre la massa ρ_{1j} , con $j \in \mathcal{J}$, continua a conservarsi, in questo caso la carica virale media m_{1j} degli agenti non ancora diagnosticati infetti e appartenenti al gruppo sociale j non si conserva.

Per caratterizzare la carica virale media asintotica prodotta dalla dinamica di interazione, la quale raggiunge l'equilibrio più rapidamente rispetto alla dinamica di cambio di etichetta descritta sulla scala temporale più lenta τ , riscriviamo l'equazione (3.50b) per ogni $j \in \mathcal{J}$ ponendo $\varphi(v) = v$. Si noti che studiamo il caso in cui la popolazione è stata suddivisa in 3 gruppi sociali distinti per fasce d'età, dunque:

$$\frac{d}{dt}(\rho_{11}m_{11}) = -\nu_1\rho_{11}m_{11}\rho_1 + \rho_{11}(\kappa_1\rho_{11}m_{11} + \kappa_2\rho_{12}m_{12} + \kappa_3\rho_{13}m_{13})
\frac{d}{dt}(\rho_{12}m_{12}) = -\nu_2\rho_{12}m_{12}\rho_1 + \rho_{12}(\kappa_1\rho_{11}m_{11} + \kappa_2\rho_{12}m_{12} + \kappa_3\rho_{13}m_{13})
\frac{d}{dt}(\rho_{13}m_{13}) = -\nu_3\rho_{13}m_{13}\rho_1 + \rho_{13}(\kappa_1\rho_{11}m_{11} + \kappa_2\rho_{12}m_{12} + \kappa_3\rho_{13}m_{13}).$$
(3.58)

Per quanto detto precedentemente, la carica virale media $m_1 = \sum_{j \in \mathcal{J}} m_{1j}$ degli individui liberi di interagire si conserva sotto l'ipotesi per cui i tassi di scambio sono uguali per ogni gruppo sociale considerato, cioè $\nu_j = \kappa_j \ \forall j \in \mathcal{J}$. Allora indicando con m_1 tale valore costante nel tempo, è possibile studiare solo le prime due equazioni in (3.58) e vale $m_{13}(t) = m_1 - m_{11}(t) - m_{12}(t)$.

Ricordando inoltre che la massa ρ_{1j} si conserva, riscriviamo le prime due equazioni in (3.58) in forma matriciale, per $\kappa_j = \nu_j$:

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} m_{11} \\ m_{12} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \nu_1(\rho_{11} - \rho_1) - \nu_3\rho_{13} & \nu_2\rho_{12} - \nu_3\rho_{13} \\ \nu_1\rho_{11} - \nu_3\rho_{13} & \nu_2(\rho_{12} - \rho_1) - \nu_3\rho_{13} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} m_{11} \\ m_{12} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \nu_3\rho_{13}m_1 \\ \nu_3\rho_{13}m_1 \end{pmatrix}$$
(3.59)

Tale sistema fornisce l'evoluzione su scala temporale veloce t delle quantità m_{1j} di nostro interesse. Ponendo infatti il secondo membro delle equazioni in (3.59) uguale a zero, si ha che la carica virale media tende alla configurazione di equilibrio:

$$m_{11}^* = \frac{\nu_2 \nu_3 m_1}{\nu_1 \nu_2 + \nu_1 \nu_3 + \nu_2 \nu_3}, \quad m_{12}^* = \frac{\nu_1 \nu_3 m_1}{\nu_1 \nu_2 + \nu_1 \nu_3 + \nu_2 \nu_3}, \quad m_{13}^* = \frac{\nu_1 \nu_2 m_1}{\nu_1 \nu_2 + \nu_1 \nu_3 + \nu_2 \nu_3}, \quad (3.60)$$

dunque la percentuale di carica virale in ogni classe dipende dalle altre classi. Attraverso i classici risultati di stabilità lineare, e ricordando che $\nu_j, \rho_{1j} \in (0, 1)$ per ogni $j \in \mathcal{J}$ e che $\rho_1 = \sum_{j \in \mathcal{J}} \rho_{1j}$, si ottiene che tale configurazione di equilibrio è asintoticamente stabile.

Si noti inoltre come per tassi di scambio uguali per tutte i gruppi sociali, cioè $\nu_j = \nu$ $\forall j \in \mathcal{J}$, la configurazione di equilibrio stabile che si ottiene dalla dinamica di interazione microscopica è

$$(m_{11}^*,m_{12}^*,m_{13}^*) = \Big(\frac{m_1}{3},\frac{m_1}{3},\frac{m_1}{3}\Big),$$

cioè la carica virale degli individui non diagnosticati infetti si distribuisce uniformemente tra le sottopopolazioni considerate. In realtà, ipotizzare $\nu_j = \nu \,\,\forall j \in \mathcal{J}$ equivale a non considerare elementi distintivi tra le classi sociali, dunque è come avere 3 copie uguali della stessa classe, e quindi 3 copie uguali dello stesso stato asintotico.

Allora la distribuzione t-asintotica prodotta dalla (3.50b) si può esprimere sulla scala temporale τ come

$$\widetilde{f}_{1j}(\tau, v) = \rho_{1j}(\tau)g_{1j}(v), \quad j \in \mathcal{J},$$

con $g_{1j}: \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}_+$ che soddisfa

$$\int_{\mathbb{R}_+} g_{1j}(v) dv = 1,$$

in quanto la dinamica di interazione degli agenti non ancora diagnosticati infetti conserva la massa.

Allo stesso modo, la distribuzione *t*-asintotica prodotta dalla (3.51b) la denotiamo con $\rho_{2j}(\tau)g_{2j}(v)$, con $g_{2j}: \mathbb{R}_+ \to \mathbb{R}_+$ che soddisfa anch'essa

$$\int_{\mathbb{R}_+} g_{2j}(v) dv = 1.$$

Allora le distribuzioni \tilde{f}_{1j} e \tilde{f}_{2j} possono essere espresse sulla scala temporale più lenta τ , come segue:

$$\tilde{f}_{1j} = \rho_{1j}(\tau)g_{1j}(v), \quad \tilde{f}_{2j} = \rho_{2j}(\tau)g_{2j}(v).$$

Al fine di descrivere l'evoluzione temporale delle quantità macroscopiche ρ_{1j} , ρ_{2j} ed m_{1j} , considerando anche la dinamica più lenta di cambio di etichetta, sostituiamo le espressioni delle distribuzioni appena trovate nell'equazione (3.50a), con $\varphi(v) = 1$ e

 $\varphi(v) = v:$

$$\begin{cases} \frac{d\rho_{1j}}{d\tau} = \rho_{2j} \left(\int_{\mathbb{R}_+} \zeta(v) g_{2j}(v) dv \right) - \rho_{1j} \left(\int_{\mathbb{R}_+} \gamma(v) g_{1j}(v) dv \right) \\ \rho_{2j} = \rho_{1j}(0) - \rho_{1j} \\ \frac{d}{d\tau} (\rho_{1j} m_{1j}) = \rho_{2j} \left(\int_{\mathbb{R}_+} v \zeta(v) g_{2j}(v) dv \right) - \rho_{1j} \left(\int_{\mathbb{R}_+} v \gamma(v) g_{1j}(v) dv \right) \end{cases} \qquad j \in \mathcal{J} \quad (3.61)$$

Guardando alla (3.30), in questo caso $\langle p+q \rangle = 1 - \epsilon_j < 1$, dunque la carica virale media m_{2j} degli agenti appartenenti alla classe j e posti in isolamento tende asintoticamente nel tempo al valore 0, e tale risultato segue da quanto visto nella sezione 3.1.1. Allora dalla (3.51b) si ha che $g_{2j}(v) = \delta(v)$.

Al fine di caratterizzare la distribuzione locale di equilibrio g_{1j} , che sappiamo avere massa unitaria e media asintotica m_{1j}^* raggiunta dalla dinamica di interazione binaria descritta su scala temporale più rapida t, ed espressa in (3.60), studiamo l'evoluzione del momento secondo.

Sotto ipotesi di trascurabilità della fluttuazione stocastica, possibile in quanto essa non interviene nell'evoluzione delle quantità macroscopiche di interesse quali media e densità perché a media nulla, e dunque i risultati ottenuti in precedenza continuano ad essere validi, ponendo $\varphi(v) = v^2$ nell'equazione cinetica (3.50b), si ha che l'evoluzione nel tempo dell'energia E_{1j} , con $j \in \mathcal{J}$, è descritta dalla seguente equazione:

$$\frac{dE_{1j}}{dt} = \nu_j^2 E_{1j} - 2\nu_j E_{1j} + \sum_{h \in \mathcal{J}} \kappa_h^2 E_{1h} + 2m_{1j} \sum_{h \in \mathcal{J}} \kappa_h m_{1h} - 2\nu_j m_{1j} \sum_{h \in \mathcal{J}} \kappa_h m_{1h} \\
= \nu_j (\nu_j - 2) E_{1j} + \sum_{h \in \mathcal{J}} \kappa_h^2 E_{1h} + 2(1 - \nu_j) m_{1j} \sum_{h \in \mathcal{J}} \kappa_h m_{1h} \\
= \sum_{h \in \mathcal{J}} 2\kappa_h (1 - \nu_j) \Big[m_{1j} m_{1h} - \frac{\nu_j (2 - \nu_j)}{2\kappa_h (1 - \nu_j)} E_{1j} + \frac{\kappa_h}{2(1 - \nu_j)} E_{1h} \Big] \\
= \sum_{h \in \mathcal{J}} a_h \Big[m_{1j} m_{1h} - b_h E_{1j} + c_h E_{1h} \Big],$$
(3.62)

 $\operatorname{con} a_h, b_h, c_h > 0.$

Si osservi che da tale equazione non è possibile dimostrare che la distribuzione g_{1j} ha varianza che tende a 0 sulla scala rapida delle interazioni binarie.

Dunque, a meno di qualche studio più approfondito quale ad esempio la procedura asintotica di Fokker-Planck, di cui alla sezione 2.2, dallo studio dei momenti fino all'ordine 2 non è possibile determinare un'espressione esplicita per tale distribuzione di equilibrio locale.

Al fine di ottenere equazioni più abbordabili in forma chiusa, scegliamo di imporre una chiusura monocinetica, e dunque la distribuzione g_{1j} può essere caratterizzata come δ

concentrata nel valore asintotico m_{1i}^* :

$$g_{1i}(v) = \delta(v - m_{1i}^*).$$

Si osservi che tale risultato è frutto di un'approssimazione, tuttavia necessaria per pervenire ad un sistema di equazioni in forma chiusa, e dunque ad un modello matematico autoconsistente.

Allora, tenendo conto delle espressioni ricavate per le distribuzioni di equilibrio locale $g_{1j} \in g_{2j}$:

$$g_{1j}(v) = \delta(v - m_{1j}^*), \quad g_{2j}(v) = \delta(v),$$

le equazioni in (3.61) si semplificano in:

$$\begin{cases} \frac{d\rho_{1j}}{d\tau} = \zeta(0)\rho_{1j}(0) - \rho_{1j}(\zeta(0) + \gamma(m_{1j}^*)) \\ \frac{dm_{1j}}{d\tau} = -m_{1j}^*\gamma(m_{1j}^*) - \frac{m_{1j}(\zeta(0)\rho_{1j}(0) - \rho_{1j}(\zeta(0) + \gamma(m_{1j}^*)))}{\rho_{1j}} & j \in \mathcal{J}, \end{cases}$$

i cui stati stazionari sono dati da:

$$\zeta(0)\rho_{1j}(0) - \rho_{1j}^{\infty}(\zeta(0) + \gamma(m_{1j}^*)) = 0$$
(3.63a)

$$\rho_{1j}^{\infty}m_{1j}^*\gamma(m_{1j}^*) + m_{1j}^{\infty}(\zeta(0)\rho_{1j}(0) - \rho_{1j}^{\infty}(\zeta(0) + \gamma(m_{1j}^*))) = 0$$
(3.63b)

Dalla (3.60) si noti che i valori asintotici m_{1j}^* sono proporzionali ad m_1 , secondo un fattore che indica la percentuale con cui la carica virale media m_1 si distribuisce tra la varie fasce sociali. Si ricordi inoltre che, per quanto detto precedentemente, $m_1^{\infty} = 0$ e dunque possiamo affermare che per tempi lunghi anche $m_{1j}^* = 0$.

Allora supponendo $\gamma(0) = 0$, ipotesi concorde se si pensa che la probabilità che un agente con carica virale nulla venga diagnosticato infetto e messo in isolamento sia pari a zero, dalla (3.63a) si ha: a

$$\rho_{1j}^{\infty} = \rho_{1j}(0), \quad j \in \mathcal{J}.$$

Si osservi che ρ_{1j} non è costante nel tempo, in quanto abbiamo un'equazione che ne descrive l'evoluzione temporale, bensì tale quantità è variata per poi asintoticamente ritornare al valore iniziale $\rho_{1j}(0)$.

Tale risultato mostra inoltre come, per tempi lunghi, non si avranno più individui in isolamento. Infatti ricordando la condizione iniziale per cui al tempo $\tau = 0$ tutti gli agenti sono liberi di interagire, allora:

$$\rho_{2j}^{\infty} = \rho_{1j}(0) - \rho_{1j}^{\infty} = 0, \quad j \in \mathcal{J}.$$

Infine, sostituendo il valore di ρ_{1j}^{∞} nella (3.63b), e ricordando che per tempi lunghi $m_{1j}^* = 0$, si ha:

$$m_{1j}^{\infty} = 0, \quad j \in \mathcal{J},$$

confermando che per tempi lunghi la quarantena porti alla guarigione di tutta la popolazione.

Si osservi che tale risultato è concorde e derivabile da quello ottenuto in (3.57), in quanto per definizione $m_i = \sum_{j \in \mathcal{J}} m_{ij}$ e le quantità m_{ij} sono non negative, ma in questo caso si ha un sistema che descrive l'evoluzione in tempo delle quantità di interesse per ogni classe sociale $j \in \mathcal{J}$, e non solo per la somma.

Si ricordi che tali risultati sono stati ottenuti sotto l'ipotesi $\nu_j = \kappa_j$ per ogni $j \in \mathcal{J}$, per cui il tasso di guarigione spontanea è stato posto uguale al tasso di contagio.

Si vuole ora indagare cosa succede se si considera la sola dinamica di interazione microscopica descritta sulla scala temporale veloce t nel caso in cui $\kappa_j \neq \nu_j$.

Le considerazioni fatte per gli agenti in quarantena sono analoghe alle precedenti. Per quanto riguarda gli agenti non diagnosticati infetti invece, in questo caso la carica virale media m_1 non si conserva, mentre continua a conservarsi la massa ρ_{1j} , con $j \in \mathcal{J}$.

Per studiare l'evoluzione sulla scala temporale veloce t degli stati medi m_{1j} , si consideri il caso particolare in cui la popolazione è suddivisa in sole 2 classi sociali. Sotto tale ipotesi, e tenendo conto della conservazione della massa, il sistema di equazioni (3.58) può essere riscritto in forma matriciale come segue:

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} m_{11} \\ m_{12} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\nu_1 \rho_1 + \kappa_1 \rho_{11} & \kappa_2 \rho_{12} \\ \kappa_1 \rho_{11} & -\nu_2 \rho_1 + \kappa_2 \rho_{12} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} m_{11} \\ m_{12} \end{pmatrix}$$
(3.64)

Ponendo il secondo membro delle equazioni uguale a zero, si ottiene l'equilibrio in assenza di infezione $(m_{11}^*, m_{12}^*) = (0, 0)$. Per valutare la stabilità di tale stato stazionario si studino i segni degli autovalori λ dello Jacobiano, cioè i segni delle radici del polinomio caratteristico $p(\lambda)$:

$$p(\lambda) = \lambda^2 + \lambda(\nu_1\rho_1 + \nu_2\rho_1 - \kappa_1\rho_{11} - \kappa_2\rho_{12}) + \nu_1\nu_2\rho_1^2 - \nu_1\kappa_2\rho_1\rho_{12} - \nu_2\kappa_1\rho_1\rho_{11}.$$

Da cui, ricordando che la quantità macroscopica ρ_{1j} si conserva, il che vuol dire che $\rho_{1j} = \rho_{1j}(0)$ con j = 1, 2, e che al tempo t = 0 abbiamo supposto che nessun agente è in isolamento, dunque $\rho_{11}(0) = \rho_{12}(0) = 1$, si ha che esso è stabile sotto le condizioni:

$$\begin{cases} \kappa_1 + \kappa_2 < \nu_1 + \nu_2 \\ \frac{\kappa_1}{\nu_1} + \frac{\kappa_2}{\nu_2} < 1. \end{cases}$$
(3.65)

Si noti che ipotizzando tassi di scambio di carica virale uguali indipendentemente dal

gruppo sociale di appartenenza, cioè $\kappa_1 = \kappa_2 = \kappa e \nu_1 = \nu_2 = \nu$, si ha che l'equilibrio in assenza di infezione è stabile per $\kappa < \frac{\nu}{2}$. Tale condizione di stabilità è concorde con il significato fisico dei parametri, infatti, per avere una completa eradicazione dell'infezione, è chiaro che il tasso di contagio κ debba essere minore del tasso di guarigione spontanea ν .

Infine, si osservi che per avere risultati analitici che diano un'indicazione sul ruolo e sulla relazione tra i parametri microscopici del sistema ci siamo limitati allo studio del caso prototipo di 2 classi sociali, poco ricco dal punto di vista della modellizzazione della struttura sociale, ma che dal punto di vista matematico consente di ottenere risultati che assumono significato anche a livello macroscopico. Il risultato ottenuto nella (3.65) infatti, nella sua semplicità, mostra quali sono i dettagli microscopici individuali che intervengono nella determinazione del comportamento collettivo emergente su scala macroscopica, e come le due scale siano intimamente collegate. Questa è l'essenza della teoria cinetica.

Capitolo 4

Simulazioni numeriche

Per risolvere numericamente il modello cinetico di contagio di una malattia infettiva descritto nella sezione 3.2, a partire dall'algoritmo di tipo Monte Carlo di Nanbu-Babovski, di cui alla sezione 2.3, e con l'ausilio del software MATLAB [31], abbiamo sviluppato un nuovo algoritmo in grado di simulare, oltre alla dinamica di aggiornamento della legge microscopica, anche il trasferimento degli agenti da un'etichetta epidemica all'altra, cioè la dinamica di quarantena, tenendo sempre conto della divisione della popolazione in 3 classi sociali discriminate per età.

L'algoritmo, di cui all'Algoritmo 2 dell'Appendice A in dettaglio, si compone di 3 blocchi principali: il primo, righe 5 – 17, implementa la dinamica di interazione microscopica degli agenti liberi di interagire descritta dalla legge (3.31); il secondo blocco invece, righe 18–26, implementa l'aggiornamento della legge microscopica (3.30) degli agenti posti in isolamento; il terzo ed ultimo blocco, righe 29 – 49, implementa il processo Markoviano di cambio di etichetta descritto dalle probabilità di transizione in (3.29), ed in particolare le righe 30 – 38 sono relative al cambio di stato epidemico da x = 1 a x = 2, cioè la dinamica di quarantena, mentre le righe 40 – 48 simulano il processo di salto da x = 2 a x = 1, cioè la dinamica di guarigione e riammissione in società.

4.1 Condizioni iniziali

In tutte le simulazioni numeriche sono state imposte le seguenti condizioni iniziali:

- stati microscopici distribuiti come un'uniforme tra 0 ed 1: $v \sim U[0, 1];$
- tutti gli individui hanno stato epidemico x = 1, dunque sono tutti liberi di interagire, equivalentemente nessun agente è in isolamento;
- il 29% degli individui sono stati posti nella fascia d'età 1, il 43% nella fascia 2 ed il 28% nella fascia 3.

Parametro	Significato
N _{tot}	numero totale di agenti nel sistema
n_{max}	iterazioni temporali
Δt	passo temporale
λ	frequenza cambio di etichetta
μ_{jh}	frequenza di interazione fascia j con fascia h
$ u_j $	tasso di guarigione spontanea agenti fascia j non quarantenati
κ_j	tasso di trasmissione infezione agenti fascia j non quarantenati
γ	probabilità di essere diagnosticato infetto e quarantenato
ζ	probabilità di essere dichiarato guarito e riammesso in società

Tabella 4.1: Significato dei parametri

Parametro	Valore	
N_{tot}	10^{6}	
Δt	0.1	
μ_{jh}	$[1\ 1\ 1; 1\ 1\ 1; 1\ 1]$	

Tabella 4.2: Parametri mantenuti costanti

Si osservi che tali condizioni iniziali non sono state scelte arbitrariamente.

Per quanto riguarda l'etichetta che descrive lo stato epidemico, è stata imposta la condizione naturale per cui all'istante in cui si inizia ad osservare il fenomeno nessun individuo è ancora stato dichiarato infetto.

La condizione imposta sul numero di individui presenti in ogni fascia d'età invece, è stata imposta immaginando di simulare il totale della popolazione italiana, ed i dati utilizzati si riferiscono al censimento ISTAT aggiornato al 1 Gennaio 2020 [23].

4.2 Risultati

Al fine di validare il codice numerico e dimostrare la bontà dei risultati ottenuti, sono stati riprodotti i casi studiati analiticamente nella sezione 3.2.

La scelta dei parametri è stata fatta a partire da quelli proposti in [30]: in tabella 4.1 vengono elencati con in relativo significato, la tabella 4.2 mostra invece il valore di quelli mantenuti costanti in tutte le simulazioni numeriche di questa sezione, ed in tabella 4.3 infine ci sono i valori dei parametri che abbiamo variato di simulazione in simulazione.

Le figure 4.1, 4.2, 4.3 fanno riferimento al caso di probabilità di transizione costanti e dinamiche di interazione microscopica e cambio di etichetta su stessa scala temporale, analizzato nella sezione 3.2.1. In particolare, poiché l'obiettivo ultimo è ottenere modelli alla scala delle popolazioni, viene proposta la soluzione numerica del modello

Parametro	Fig. 4.1	Fig. 4.2	Fig. 4.3	Fig. 4.4	Fig. 4.5
n _{max}	500	500	500	3000	1500
λ	1	1	1	0.1	0.1
$ u_j $	$[0.6 \ 0.6 \ 0.6]$	$[0 \ 0 \ 0]$	$[0 \ 0 \ 0]$	$[0.6 \ 0.4 \ 0.2]$	$[0.7 \ 0.5 \ 0.3]$
κ_j	$[0.2 \ 0.2 \ 0.2]$	$[0.2 \ 0.2 \ 0.2]$	$[0.2 \ 0.2 \ 0.2]$	$[0.6 \ 0.4 \ 0.2]$	$[0.6 \ 0.4 \ 0.2]$
ϵ_j	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$
γ	0.8	0.8	0.2	$0.8(1-e^{-v})$	$0.8(1-e^{-v})$
ζ	0.4	0.4	0.4	$0.4e^{-v}$	$0.4e^{-v}$

Parametro	Fig. 4.6	Fig. 4.7	Fig. 4.8	Fig. 4.9
n _{max}	1500	1500	500	1500
λ	0.1	0.1	1	1
$ u_j $	$[0.7 \ 0.4]$	$[0.4 \ 0.2]$	$[0.9 \ 0.5 \ 0.1]$	$[0 \ 0 \ 0]$
κ_j	$[0.4 \ 0.1]$	$[0.6 \ 0.4]$	$[0.2 \ 0.2 \ 0.2]$	$[0.2 \ 0.2 \ 0.2]$
ϵ_j	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$	$[0.3 \ 0.3 \ 0.3]$	$[0.9 \ 0.5 \ 0.1]$	$[0.9 \ 0.5 \ 0.1]$
γ	$0.8(1-e^{-v})$	$0.8(1-e^{-v})$	0.8	0.8
ζ	$0.4e^{-v}$	$0.4e^{-v}$	0.4	0.4

Tabella 4.3: Parametri variati di simulazione in simulazione

macroscopico continuo descritto dalle equazioni (3.34)-(3.37) ed ottenuta con la routine ode45 di Matlab [32].

Si osservi come la densità degli individui liberi di interagire e quella degli individui in isolamento, rispettivamente in blu e rosso nelle sottofigure (a), tendono ai valori asintotici predetti nella (3.40), così come le stesse quantità ma considerando anche la distinzione in fasce d'età, sottofigure (c) e (d) rispettivamente, convergono ai valori asintotici predetti nella (3.42).

Per quanto riguarda la carica virale media invece, di cui nelle sottofigure (b), il risultato in figura 4.1 mostra come questa tende asintoticamente a 0 sotto le ipotesi di tassi di scambio $\nu = 3\kappa$, confermando quanto affermato nella sezione 3.2.1.

Le figure 4.2 e 4.3 invece simulano i risultati dell'analisi della stabilità dell'equilibrio in assenza di infezione nelle ipotesi di tasso di guarigione spontanea $\nu = 0$ e tasso di trasmissione dell'infezione $\kappa > 0$: come predetto in (3.48) la carica virale media tende a 0 per $\gamma > \bar{\gamma}$, e la figura 4.2 permette anche di valutare un cambio di monotonia nei primi istanti temporali, mentre la figura 4.3 mostra come la carica virale esplode all'infinito nel caso in cui $\gamma < \bar{\gamma}$. Si noti che γ rappresenta la probabilità di essere dichiarato infetto e posto in isolamento, e tale quantità influisce notevolmente sulla dinamica di contagio della malattia: è chiaro infatti che affinché si abbia asintoticamente un'eradicazione dell'infezione è necessario intervenire con misure volte a massimizzare tale quantità, ad esempio tamponando tempestivamente e/o massivamente la popolazione.

Infine, si osservi che tale analisi sulla configurazione di equilibrio in assenza di infezione

è stata sviluppata sotto l'ipotesi di tassi di scambio di carica virale uguali per tutte le classi sociali considerate. Questo significa che non vi è alcuna differenziazione tra le fasce nella dinamica microscopica di infezione, e per tale motivo non si è riportata la soluzione numerica ottenuta differenziando in classi sociali, in quanto copie uguali degli andamenti mostrati nelle sottofigure (b) e appena discussi.



Figura 4.1: Problema della sezione 3.2.1 con tassi di scambio uguali in ogni classe e $\nu=3\kappa$

Le figure dalla 4.4 alla 4.7 si riferiscono invece al caso analizzato nella sezione 3.2.2 in cui le probabilità di transizione sono funzione dello stato microscopico, in questo caso la carica virale, e la dinamica di interazione binaria avviene su una scala temporale più veloce rispetto alla dinamica di cambio di etichetta.

In questo caso la derivazione di un modello macroscopico è meno immediata, dunque i risultati mostrati sono ottenuti implementando il modello particellare originario, di cui all'Algoritmo 2 dell'appendice A, che simula il processo microscopico di interazione binaria e cambio di etichetta.

Nelle figure 4.4 e 4.5 sono mostrati, da sinistra verso destra, gli andamenti della massa degli individui liberi di interagire ed in isolamento, rispettivamente in blu e rosso, la massa degli individui non quarantenati e quella degli agenti quarantenati considerando la distinzione in fasce sociali. In entrambi i casi le masse tendono asintoticamente ai valori iniziali, così come predetto dai risultati analitici nella sezione 3.2.2.

Si osservi inoltre come nel caso di tasso di guarigione uguale al tasso di contagio, simu-



Figura 4.2: Problema della sezione 3.2.1 con tassi di scambio uguali in ogni classe, $\nu = 0, \kappa > 0$ e $\gamma > \bar{\gamma}$



Figura 4.3: Problema della sezione 3.2.1 con tassi di scambio uguali in ogni classe, $\nu=0,\,\kappa>0$ e $\gamma<\bar{\gamma}$

lato in figura 4.4, i valori asintotici sono raggiunti per tempi più lunghi rispetto al caso simulato in figura 4.5, in cui il tasso di guarigione è stato posto maggiore di quello di



Figura 4.4: Problema della sezione 3.2.2 con tassi di scambio $\nu_j = \kappa_j$



Figura 4.5: Problema della sezione 3.2.2 con tassi di scambio $\nu_j > \kappa_j$

trasmissione dell'infezione, mostrando come tali parametri incidano sulla dinamica di contagio della malattia, ed in particolare sulla durata.

L'algoritmo di tipo Monte Carlo sviluppato in Matlab è stato inoltre sfruttato per testare la bontà del risultato analitico proposto nella (3.65), frutto dell'ipotesi di imporre una chiusura monocinetica e della semplificazione per cui si considera che la popolazione sia suddivisa in sole due fasce d'età.

Le figure 4.6 e 4.7 infatti, mostrano l'andamento dei momenti di ordine 0 ed 1 nel caso in cui siano rispettivamente soddisfatte e non soddisfatte le condizioni di stabilità per l'equilibrio in assenza di infezione presentate nella (3.65). In particolare, le sottofigure (b) mostrano come la carica virale media tenda asintoticamente a 0 nel primo caso, mentre esplode all'infinito nel caso in cui sono violate le condizioni analitiche trovate in (3.65).

Se da un lato i risultati finora mostrati permettono di validare l'analisi del modello macroscopico ottenuto a partire dalla descrizione microscopica della dinamica di contagio della malattia infettiva, dall'altro sono da considerarsi un punto di partenza per indagare dinamiche più complesse e casistiche fisicamente più interessanti che non sono state studiate analiticamente.



Figura 4.6: Problema della sezione 3.2.2 con tassi di scambio che rispettano la condizione in (3.65)



Figura 4.7: Problema della sezione 3.2.2 con tassi di scambio uguali che non rispettano la condizione in (3.65)

Una prima possibile estensione dei risultati mostrati è presentata nelle figure 4.8 e 4.9, in cui la dinamica di interazione e quella di contagio avvengono sulla stessa scala temporale ma viene indagato il caso di tassi di guarigione spontanea diversi in funzione della fascia d'età.

In queste simulazioni il tasso di guarigione spontanea ϵ_j è stato posto inversamente proporzionale all'età dell'individuo: è chiaro infatti che la popolazione più giovane guarirà con un tasso maggiore rispetto alla popolazione più anziana, sicuramente più fragile rispetto alla malattia.

Tale ipotesi è realistica se si pensa che spesso l'aggressività ed il decorso della malattia dipendono fortemente dallo stato di salute pregresso dell'individuo e dalla sua fragilità rispetto all'infezione.



Figura 4.8: Problema della sezione 3.2.1 con tassi di guarigione $\epsilon_j \in \nu_j$ diversi per fascia d'età



Figura 4.9: Problema della sezione 3.2.1 con tassi di guarigione ϵ_j diversi per fascia d'età e sola dinamica di infezione ($\nu_j = 0$)

Nelle figure 4.8 e 4.9 allora, è possibile confrontare l'evoluzione temporale della carica virale media in funzione della fascia d'età di appartenenza, ed in particolare le 3 fasce sono identificate rispettivamente con il colore blu, rosso e giallo. Le sottofigure (a) e (b) si riferiscono rispettivamente agli agenti liberi di interagire ed a quelli in isolamento, mentre le sottofigure (c) mostrano l'andamento della carica virale indipendentemente dallo stato epidemico dell'individuo, mostrando dunque solo il decorso dell'infezione in

funzione della fascia d'età di appartenenza.

Come ci aspettavamo, da entrambe le figure è chiaro come il diverso decorso dell'infezione sia intimamente collegato al tasso di guarigione spontanea: se si guarda alla rapidità con cui le cariche virali tendono all'equilibrio in assenza di infezione si evince chiaramente che la fascia d'età posta più debole rispetto all'infezione è quella che guarirà in tempi più lunghi.

Si osservi infine come nel caso in cui si assumano tassi $\nu_j = 0$, dunque si considera che nella dinamica di interazione microscopica sia possibile la sola l'infezione, figura 4.9, i tempi di guarigione siano ancora più lunghi.

Tali evidenze prendono rilievo se si pensa che nella dinamica non è stata considerata la probabilità di ospedalizzazione e morte dell'individuo a seguito del prolungarsi e dell'aggravarsi dell'infezione, suggerendo dunque possibili misure ed interventi di prevenzione mirati a controllare e preservare le fasce più deboli della popolazione.

Capitolo 5

Conclusioni

Nel presente lavoro è stata illustrata un'applicazione della teoria cinetica per i sistemi multi-agente in campo epidemiologico, mettendo in luce il legame intrinseco tra i comportamenti collettivi osservabili su scala macroscopica ed i fenomeni elementari che avvengono a livello microscopico.

In primo luogo è stato sviluppato un modello matematico in cui la dinamica di interazione microscopica tra gli agenti che popolano il sistema in esame viene arricchita con un doppio processo di Markov, che permette di discriminare la popolazione in classi mediante due criteri di categorizzazione e descrivere il passaggio dell'agente da una categoria all'altra nel corso della dinamica che si vuole modellizzare.

Tale strumento matematico è stato poi utilizzato per descrivere la dinamica di diffusione di una malattia infettiva. In particolare ogni agente è stato identificato attraverso uno stato microscopico, quale la sua carica virale, ed una coppia di etichette. La prima componente dell'etichetta si riferisce allo stato epidemico, e si considera il caso in cui gli agenti sono discriminati in quelli a cui non è stata diagnosticata l'infezione e dunque liberi di interagire ed in quelli diagnosticati infetti e posti in quarantena. La seconda componente dell'etichetta invece, discrimina la popolazione in categorie sociali, ed in particolare è stato esaminato il caso in cui la popolazione viene suddivisa in 3 classi per fascia d'età. Durante la dinamica di infezione, ciascun agente può cambiare stato epidemico secondo un processo di Markov, in cui si assume che le probabilità di transizione dipendono dallo stato microscopico, che a sua volta si aggiorna a seguito di ogni interazione binaria con un altro agente del sistema. Infine i diversi gruppi sociali sono stati immaginati come organizzati su una rete di contatti, e la diversa probabilità di incontro in funzione della fascia d'età di appartenenza si concretizza nella frequenza di interazione.

La dinamica è stata studiata in due scenari: nel primo si è assunto che la dinamica di interazione binaria e quella di cambio di etichetta avvengano sulla stessa scala temporale e che le probabilità di transizione siano costanti; il secondo scenario invece considera le probabilità di transizione come funzione della carica virale e si analizza il caso in cui le interazioni microscopiche avvengono su una scala di tempo più veloce rispetto al cambio di etichetta di stato epidemico.

In entrambi i casi, a partire dalle equazione cinetiche di tipo Boltzmann, si è studiata l'evoluzione nel tempo dei momenti statistici di ordine zero ed uno, dunque della densità di individui in ogni categoria e della rispettiva carica virale media.

I risultati analitici ottenuti hanno permesso di evidenziare quali sono i parametri che giocano un ruolo fondamentale nel determinare il comportamento asintotico collettivo e l'esito della dinamica di contagio, fornendo uno strumento in grado di identificare dove intervenire a livello microscopico nel caso si volesse orientare la dinamica verso configurazioni desiderate. I limiti di tali risultati analitici risiedono però nelle particolari ipotesi fatte sui tassi di contagio e guarigione di ogni classe sociale, riducendo spesso lo studio al caso in cui la dinamica in ogni classe era la stessa.

E' stato infine sviluppato un algoritmo di tipo Nanbu-Babovski per simulare la dinamica microscopica di interazione binaria combinata con quella di cambio di etichetta, permettendo di osservare numericamente i risultati ottenuti analiticamente.

Lo strumento computazionale ha permesso di indagare anche il caso di tassi di guarigione diversi, simulando dunque la diversa fragilità degli individui rispetto all'infezione in funzione della fascia d'età.

Si può concludere dunque che il modello matematico sviluppato ha la potenzialità di indagare dinamiche anche più complesse rispetto a quelle analizzate, ed è stato fornito uno strumento computazionale in grado di simularle.

Gli esempi di possibili indagini future potrebbero essere infatti molteplici. In primo luogo la popolazione in esame potrebbe essere discriminata non in funzione dell'età ma bensì per categoria lavorativa, posizione geografica, o qualsiasi altra caratteristica che possa identificare un aspetto interessante da esaminare ai fini della dinamica in oggetto. Un secondo aspetto, non meno rilevante del primo, sarebbe quello di agire sulle frequenze di interazione tra le varie sottopopolazioni definite, permettendo così di simulare misure di contenimento del contagio diverse a seconda del decorso dell'infezione o delle caratteristiche di interazione in funzione della classe di appartenenza.

55

Appendice A

Algoritmi

Algorithm 1: Algoritmo di Nanbu-Babovski

1 Fissa $N = O(10^6)$ numero di particelle; **2** Fissa $\Delta t = \frac{1}{\mu};$ **3** Campiona N valori $v_1^{(0)}, v_2^{(0)}, \cdots, v_N^{(0)}$ dalla distribuzione iniziale $f_0(v) := f(0, v)$ data; 4 for $n = 0, 1, 2, \cdots, n_{max}$ do $\mathbf{5}$ repeat Seleziona casualmente due particelle $i, j \in \{1, \dots, N\}$ con $i \neq j$; 6 Aggiorna gli stati microscopici $v_i^{(n)} e v_j^{(n)}$ secondo $v_i^{(n+1)} = v_i^{(n)} + \varepsilon I(v_i^{(n)}, v_j^{(n)}) + D(v_i^{(n)})\eta$ $v_j^{(n+1)} = v_j^{(n)} + \varepsilon I(v_j^{(n)}, v_i^{(n)}) + D(v_j^{(n)})\eta_*;$ 7 Segna gli indici $i \in j$ come già usati 8 until non ci sono più indici da usare; 9 Costruire istogramma che approssima $f^{n+1}(v)$ a partire dai nuovi stati 10 microscopici $v_1^{(n+1)},\cdots,v_N^{(n+1)}$

Algorithm 2: Algoritmo per la simulazione del modello cinetico di contagio di una malattia infettiva

Data:

- $N_{tot} = 10^6$ numero totale di agenti nel sistema;
- $N_{1j}^n\in\mathbb{N}$ numero di agenti con etichetta epidemica x=1e nella fascia d'etàj=1,2,3al tempo $t^n:=n\Delta t;$
- $N_{2j}^n \in \mathbb{N}$ numero di agenti con etichetta epidemic
ax=2e nella fascia d'etàj=1,2,3al temp
o $t^n;$
- $\mathbb{V}_{1j}^n := \{v_{1j}^n, \dots, v_{N_{1j}^n}^n\}$ insieme degli stati microscopici degli agenti con etichetta epidemica x = 1 e nella fascia d'età j = 1, 2, 3 al tempo t^n ;
- $\mathbb{V}_{2j}^{n} := \{w_{2j}^{n}, \dots, w_{N_{2j}^{n}j}\}$ insieme degli stati microscopici degli agenti con etichetta epidemica x = 2 e nella fascia d'età j = 1, 2, 3 al tempo t^{n} ;
- 1 Fissa n_{max} numero di iterazioni temporali;
- **2** Fissa $\Delta t \leq \min\{\frac{1}{\lambda}, \frac{1}{\mu_{jh}}\}, \text{ con } j, h = 1, 2, 3;$
- **3** for $n = 0, 1, 2, ..., n_{max}$ do

4	Calcola $N_{1j}^n = card(\mathbb{V}_{1j}^n), N_{2j}^n = card(\mathbb{V}_{2j}^n), \rho_{1j}^n = \frac{N_{1j}}{N_{tot}}, \rho_{2j}^n = \frac{N_{2j}}{N_{tot}},$					
	$m_{1j}^n = \frac{1}{N_{1j}^n} \sum_{k=1}^{N_{1j}^n} v_{kj}^n, m_{2j}^n = \frac{1}{N_{2j}^n} \sum_{k=1}^{N_{2j}^n} w_{kj}^n$					
5	repeat					
6	Scegli casualmente $v_{kj}^n \in \mathbb{V}_{1j}^n$ e $v_{lh}^n \in \mathbb{V}_{1h}^n$ con $k \neq l$;					
7	Campiona $\Sigma \sim \text{Bernoulli}(\mu_{ih} \Delta t);$					
8	if $\Sigma = 1$ then					
9	Campiona σ_k da distribuzione con supporto $(\nu_j - 1, +\infty);$					
10	Campiona σ_l da distribuzione con supporto $(\nu_h - 1, +\infty);$					
11	Aggiorna $v_{kj}^n \in \mathbb{V}_{1j}^n$ con $v_{kj}^{n+1} \in \mathbb{V}_{1j}^{n+1}$ secondo la (3.31);					
12	Aggiorna $v_{lh}^n \in \mathbb{V}_{1h}^n$ con $v_{lh}^{n+1} \in \mathbb{V}_{1h}^{n+1}$ secondo la (3.31);					
13	else					
14	Poni $v_{kj}^{n+1} = v_{kj}^n \in \mathbb{V}_{1j}^{n+1}, v_{lh}^{n+1} = v_{lh}^n \in \mathbb{V}_{1h}^{n+1};$					
15	end					
16	Segna gli indici $k \in l$ come già usati;					
17	until non ci sono più indici da usare;					
18	for $k = 1, \cdots, N_{2j}^n$ do					
19	Campiona $\Sigma \sim \text{Bernoulli}(\mu_{jj}\Delta t);$					
20	if $\Sigma = 1$ then					
21	Campiona ξ da distribuzione con supporto $(\epsilon_j - 1, +\infty);$					
22	Aggiorna $w_{kj}^n \in \mathbb{V}_{2j}^n$ con $w_{kj}^{n+1} \in \mathbb{V}_{2j}^{n+1}$ secondo la (3.30);					
23	else					
24	Poni $w_{kj}^{n+1} = w_{kj}^n \in \mathbb{V}_{2j}^{n+1}$					
25	end					
26	end					
27 E	end					

```
28 for n = 0, 1, 2, \ldots, n_{max} do
             for k = 1, \ldots N_{tot} do
\mathbf{29}
                   if j = 1 then
30
                          Campiona \Theta \sim \text{Bernoulli}(\lambda \Delta t);
\mathbf{31}
                          if \Theta = 1 then
\mathbf{32}
                                \Theta = 1 \text{ then}
Scegli v_{kj}^{n+1} \in \mathbb{V}_{1j}^{n+1};
Campiona J \in \{0, 1\} con \mathbb{P}(J = 0) = 1 - \gamma(v_{kj}^{n+1}),
\mathbb{P}(J = 1) = \gamma(v_{kj}^{n+1});
33
\mathbf{34}
                                if J = 1 then

Sposta v_{kj}^{n+1} \in \mathbb{V}_{1j}^{n+1} in \mathbb{V}_{2j}^{n+1};
\mathbf{35}
36
                                 end
37
                          end
\mathbf{38}
                    else
39
                          Campiona \Theta \sim \text{Bernoulli}(\lambda \Delta t);
40
                          if \Theta = 1 then
\mathbf{41}
                                \mathbf{42}
\mathbf{43}
                                if J = 1 then

Sposta w_{kj}^{n+1} \in \mathbb{V}_{2j}^{n+1} in \mathbb{V}_{1j}^{n+1};
\mathbf{44}
 \mathbf{45}
                                 end
\mathbf{46}
                          \mathbf{end}
\mathbf{47}
                    end
\mathbf{48}
            \mathbf{end}
49
50 end
```

Bibliografia

- J. P. Agnelli, F. Colasuonno, and D. Knopo. A kinetic theory approach to the dynamics of crowd evacuation from bounded domains. *Math. Models Methods Appl. Sci.*, 25(1): 109-129, 2015.
- [2] R. Anderson, R. May. Vaccination against rubella and measles: quantitative investigations of different policies. J. Hyg. Camb., 90: 259–325, 1983.
- [3] F. Amblard, G. Deffuant, T. Faure, G. Weisbuch. How can extremism prevail? A study based on the relative agreement interaction model. J. Artif. Soc. Soc. Simul., 5(4), 2002.
- [4] N.T.J. Bailey. The mathematical theory of infectious diseases and its applications. Second edition. Hafner Press, Macmillan Publishing Co., Inc.. New York, 1975.
- [5] D. Bernoulli. Nuova analisi della mortalità causata dal vaiolo e studio dei vantaggi connessi alla vaccinazione preventiva, 1760.
- [6] L. Boltzmann. Weitere Studien über das Wörmegleichgewicht unter Gasmolekülen. Sitzungsberichte Akad. Wiss., II(66):275–370, Vienna, 1872.
- [7] L. Boudin, F. Salvarani. A kinetic approach to the study of opinion formation. ESAIM Math. Model. Numer. Anal., 43(3):507-522, 2009.
- [8] F. Bullo, W. Mei, S. Mohagheghi, S. Zampieri. On the dynamics of deterministic epidemic propagation over networks. *Annual Reviews in Control*, 44: 116-128, 2017.
- [9] S. Busenberg, K. Cooke, M. Iannelli. Endemic thresholds and stability in a class of age-structured epidemics. SIAM J. Appl. Math., 48: 1379–1395, 1988.
- [10] S. Chapman, T.G. Cowling. The mathematical theory of non-uniform gases. Cambridge Univ. Press., London, 1952.
- [11] S. Cordier, L. Pareschi, G. Toscani. On a kinetic model for a simple market economy. J. Stat. Phys., 120(1): 253-277, 2005.

- [12] S. De Lillo, M. Delitala, M. C. Salvatori. Modelling epidemics and virus mutations by methods of the mathematical kinetic theory for active particles. *Math. Models Methods Appl. Sci.*, 19: 1405-1425, 2009.
- [13] M. Delitala. Generalized kinetic theory approach to modeling spread and evolution of epidemics. *Mathl. comput. modelling*, 39 (1): 1-12, 2004.
- [14] L. Desvillettes. On asymptotics of the Boltzmann equation when the collisions become grazing. *Transp. theory and stat. phys.*, 21(3): 259–276, 1992.
- [15] G. Dimarco, L. Pareschi, G. Toscani, M. Zanella. Wealth distribution under the spread of infectious diseases. *Phys. Rev. E*, 102(2-1): 022303, 2020.
- [16] G. Dimarco, B. Perthame, G. Toscani, and M. Zanella. Social contacts and the spread of infectious diseases. Preprint: arXiv:2009.01140, 2020
- [17] Eames KT., Keeling MJ. Networks and epidemic models. J R Soc Interface, 2: 295-307, 2005.
- [18] A. Festa, A. Tosin, M.-T. Wolfram. Kinetic description of collision avoidance in pedestrian crowds by sidestepping. *Kinet. Relat. Models*, 11(3):491-520, 2018.
- [19] M. Fraia, A. Tosin. The Boltzmann legacy revisited: kinetic models of social interactions. Mat. Cult. Soc. Riv. Unione Mat. Ital. (I), 5(2):93-109, 2020.
- [20] D. Greenhalgh. Threshold and stability results for an epidemic model with an age structured meeting-rate. IMA J. Math. Appl. Med. Biol., 5: 81–100, 1988.
- [21] M. Iannelli. Mathematical theory of age-structured population dynamics. Applied Mathematics Monographs CNR, 7, 1994.
- [22] H. Inaba. Threshold and stability results for an age-structured epidemic model.
 J. Math. Biol., 28: 411–434, 1990.
- [23] ISTAT, tavole dati aggiornate al 1 Gennaio 2020, url: http://demo.istat.it/popres/index.php?anno=2020&lingua=ita
- [24] M. J. Keeling. The effects of local spatial structure on epidemiological invasions. Proc. R. Soc. Lond. B., 266:859–67, 1999.
- [25] W. O. Kermack, A. G. McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character, Vol. 115 Num. 772: 700-721, 1927.

- [26] A. Klar, R. Wegener. Enskog-like kinetic models for vehicular traffic. J. Stat. Phys., 87(1-2):91-114, 1997.
- [27] E.M. Lifschitz, L.P. Pitaevskii. *Physical kinetics*. Perg. Press., Oxford, 1981.
- [28] N. Loy, L. Preziosi. Kinetic models with non-local sensing determining cell polarization and speed according to independent cues. J. Math. Biol., 1-49, 2019.
- [29] N. Loy, L. Preziosi. Stability of a non-local kinetic model for cell migration with density dependent orientation bias. *Kinet. Relat. Models*, 1007-1027, 2020.
- [30] N. Loy, A. Tosin. Non-conservative Boltzmann-type kinetic equations for multiagent systems with label switching. Preprint: arXiv:2006.15550, 2020.
- [31] MATLAB documentation, url: https://it.mathworks.com/help/matlab/
- [32] MATLAB ode45 documentation, url: https://it.mathworks.com/help/matlab/ref/ode45.html
- [33] A.B. Morante, A. Pagliarini. Two-group kinetic theory of vehicular traffic. *Meccanica*, 9, 151–156, 1974.
- [34] M. E. J. Newman. The spread of epidemic disease on networks. *Physical Review* E, 66 (1), 2002.
- [35] L. Pareschi, G. Toscani. Wealth distribution and collective knowledge: a Boltzmann approach. *Phil. Trans. R. Soc. A*, (372): 20130396, 2014.
- [36] L. Pareschi, G. Toscani, A. Tosin, M. Zanella. Hydrodynamic models of preference formation in multi-agent societies. J. Nonlinear Sci., 29(6):2761-2796, 2019.
- [37] B. Piccoli, A. Tosin, M. Zanella. Model-based assessment of the impact of driverassist vehicles using kinetic theory. Z. Angew. Math. Phys., 71(5):152/1-25, 2020.
- [38] L. Preziosi, G. Toscani, and M. Zanella. Control of tumour growth distributions through kinetic methods. Preprint: arXiv:2006.06249, 2020.
- [39] I. Prigogine, R. Herman. Kinetic theory of vehicular traffic. American Elsevier Publishing Co., New York, 1971.
- [40] M. Pulvirenti, S. Simonella. A kinetic model for epidemic spread. Math. Mech. Complex Syst., 8(3): 249-260, 2020.
- [41] G. Puppo, M. Semplice, A. Tosin, G. Visconti. Kinetic models for traffic flow resulting in a reduced space of microscopic velocities. *Kinet. Relat. Models*, 10(3):823-854, 2017.

- [42] G. Toscani. Kinetic models of opinion formation. Comm. Math. Sci., 4(3):481-496, 2006.
- [43] G. Toscani, A. Tosin, M. Zanella. Opinion modeling on social media and marketing aspects. *Phys. Rev. E*, 98(2):022315/1-15, 2018.
- [44] A. Tosin, M. Zanella. Kinetic-controlled hydrodynamics for traffic models with driver-assist vehicles. *Multiscale Model. Simul.*, 17(2):716-749, 2019.
- [45] A. Tosin, M. Zanella. Uncertainty damping in kinetic traffic models by driver-assist controls. *Math. Control Relat. Fields*, 2020. To appear (preprint arXiv:1904.00257).
- [46] E. Rusu. Network Models in Epidemiology. (arXiv:1511.01062v1)
- [47] C. Villani. On a new class of weak solutions to the spatially homogeneous Boltzmann and Landau equations. Arch. Ration. Mech. Anal., 143(3):273-307, 1998.
- [48] R. Yano. Kinetic modeling of local epidemic spread and its simulation. J Sci. Comput., 73: 122–156, 2017.