

DESCRIVI DA UN PUNTO DI VISTA ANALITICO UN POSSIBILE MODELLO DI CRESCITA DI UN'EPIDEMIA: DESCRIVI QUALI DEDUZIONI SI POSSONO TRARRE DALLO STUDIO DI TALE FUNZIONE QUINDI INTRODUCI UN POSSIBILE PARALLELISMO CON LA FISICA.

DEFINIZIONE DI EPIDEMIA



Si definisce epidemia il diffondersi, in un'area più o meno vasta, di una malattia, generalmente infettiva, che colpisce quasi simultaneamente una collettività di individui. Non dobbiamo però aspettarci che gli agenti patogeni responsabili delle malattie di cui sopra scompaiano, per riapparire, tempo dopo, a generare l'epidemia. Essi, infatti, sono spesso endemici e convivono con le popolazioni umane (e in alcuni casi anche animali) del luogo, rimanendo latenti all'interno di "ospiti

serbatoio" (gli ospiti serbatoio di Ebola, per esempio, sono diverse specie di scimmie tra cui il gorilla). Tuttavia, ad un cambiamento nell'equilibrio delle condizioni della popolazione in esame, corrisponde un cambiamento diretto dell'infettività dei virus o dei batteri coinvolti; essi infatti, una volta superata una certa soglia di trasmissione, danno origine all'epidemia. Quando un'epidemia si diffonde al di fuori dei confini nazionali, arrivando ad estendersi anche su aree vastissime a livello mondiale, le autorità sanitarie possono dichiarare lo stato di pandemia.

CENNI STORICI

I primi modelli matematici applicati alle epidemie risalgono alla seconda metà del '700, quando il fisico e matematico svizzero Daniel Bernoulli decise di elaborarne uno per difendere la pratica dell'inoculazione contro il vaiolo, la quale, secondo lui, avrebbe aumentato di molto l'aspettativa di vita degli infetti. La svolta decisiva, tuttavia, avvenne circa cento anni più tardi quando, in Francia, Austria ed Inghilterra, cominciarono a svilupparsi società di statistica medica. Particolarmente importante ai fini del nostro studio risulta la branca inglese di questa scienza emergente, nonché le personalità di William Farr, William Budd e John Snow. Nel 1849, infatti, Budd e Snow, allievi del primo, pubblicarono un'opera, frutto di attente osservazioni e calcoli, nella quale collegavano l'aumento dei casi di colera alla vicinanza ad alcune fonti d'acqua inquinate, origine del contagio.

Nonostante quindi si iniziassero già a muovere i primi passi in un settore scientifico, fino ad allora sconosciuto, e che avrebbe visto negli anni successivi la descrizione dell'andamento della peste bovina ad opera di Farr (il quale utilizzò un'equazione polinomiale di terzo grado) o di Ross, che propose di utilizzare il calcolo delle probabilità per definire il numero dei contagiati da malaria in relazione al numero delle zanzare, il primo vero modello matematico che potesse descrivere in modo sufficientemente valido l'andamento di un'epidemia fu elaborato solamente nel 1927 da William Kermack e Anderson McKendrick. Questo tipo di modello, detto anche modello SIR, rappresenta tutt'oggi la base sulla quale si fondano la maggior parte dei modelli moderni.

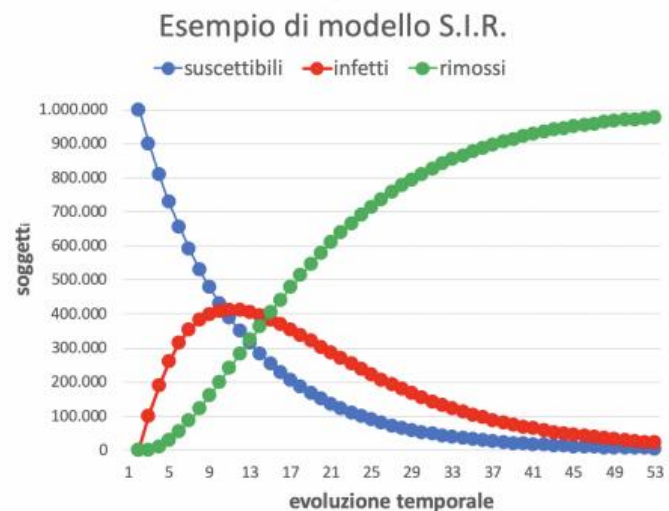
IL MODELLO SIR

Il modello SIR si compone di tre compartimenti: S (*suscettibili*, persone non infette e che possono contrarre la malattia), I (*infetti*), ed R (*rimossi*, poiché non partecipano al processo epidemico. La categoria comprende i guariti, gli isolati e i deceduti). Ciascuno dei compartimenti rappresenta quindi una funzione che varia nel tempo. In particolare: S può solo diminuire, dimodoché quando $S=0$ l'epidemia è estinta;

R può solo aumentare, mentre I subisce delle variazioni a causa di fattori tra i più svariati, tra i quali troviamo: i cambiamenti nelle condizioni ambientali, l'imposizione di norme atte a contenere il proliferare dell'infezione oppure una crescita o diminuzione dell'infettività del virus. Possiamo inoltre notare che le funzioni coinvolte vanno incontro a processi di crescita e di decadimento esponenziale. Questo modello ha il vantaggio di essere relativamente semplice, grazie al ristretto numero di funzioni utilizzate; tuttavia può prevedere con una certa esattezza soltanto quelle malattie che, una volta neutralizzate dall'organismo, conferiscono allo stesso l'immunità da altri contagi, come la varicella, la parotite e la rosolia. Ulteriori imprecisioni sono dovute alla forte generalità del modello, che non tiene conto di fattori quali: la divisione della popolazione in fasce d'età, le condizioni di salute pregresse degli individui ed il fatto che la popolazione non sia costante, ma durante il corso dell'epidemia si verificano nascite o decessi dovuti ad altre motivazioni.

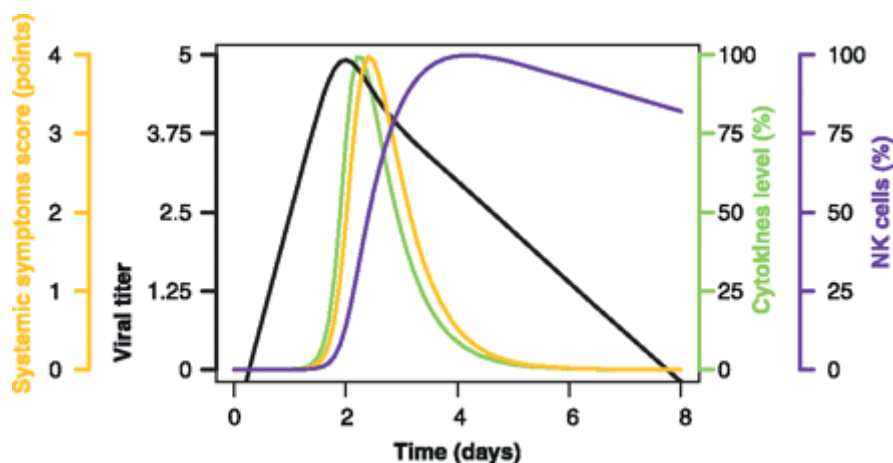
IL PROGETTO FLUMODCONT

Il Progetto FLUMODCONT (*Modelling the spread of pandemic influenza and strategies for its containment and mitigation*) è un progetto finanziato dall'Unione Europea e coordinato



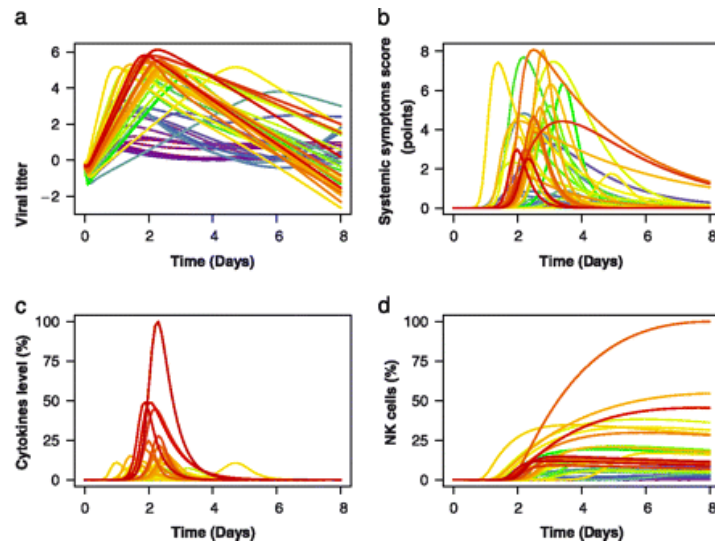
dall'Università di Trento che, tra il 2008 ed il 2011 ha avuto come obiettivo la creazione di nuovi modelli di diffusione del virus dell'influenza umana, in modo tale da fornire supporto allo sviluppo di politiche, piani e procedure di risposta in caso di pandemia influenzale. In particolare, l'iniziativa è stata sviluppata a seguito dell'insorgenza del virus aviario H5N1, estremamente patogenico, che ha sollevato l'allarme per la minaccia posta dai nuovi ceppi di influenza A. Le statistiche hanno preso in considerazione il ruolo svolto dalla trasmissione del virus nelle scuole, oltre che nei principali luoghi di lavoro e pubblici. Tra i risultati ottenuti vi è un pacchetto di software che simula, in modo particolarmente efficiente grazie a un modello su base individuale, la diffusione di una pandemia di influenza a livello europeo. Poiché la descrizione di tali modelli sarebbe troppo complessa, dati i particolari strumenti matematici utilizzati, ho deciso di riportare di seguito le rilevazioni di uno degli studi preliminari, i cui dati sono serviti alla realizzazione del progetto FLUMODCONT.

Laetitia Carini e Fabrice Carrat hanno utilizzato un modello ottenuto dall'analisi di tamponi del muco nasale condotti su volontari caucasici tra i 18 e i 40 anni, la cui correlazione ha portato a formare gli andamenti delle curve in figura. Le equazioni in questo caso sono quattro, e rappresentano i sintomi sistemici (*systemic symptoms*, cioè i sintomi specifici per la malattia presa in esame), il titolo virale (*viral titer*, ovvero la più bassa concentrazione di materiale virale che ancora infetta la cellula), il livello delle citochine (*cytokines level*, cioè le proteine che danno ad una cellula istruzioni specifiche sul suo ciclo vitale, come l'ordine di crescere, di riprodursi o di morire e che aumentano durante un'infezione virale) e infine il numero di cellule Natural Killers (*NK cells*, particolari tipi di globuli bianchi, anch'essi aventi ruolo fondamentale durante il corso delle infezioni virali).



Con questo modello, definito VKSD (*virus kinetics and symptoms dynamics*), essi sono riusciti ad ottenere il picco dell'infettività che, come si può notare dal grafico, corrisponde ad un periodo tra il

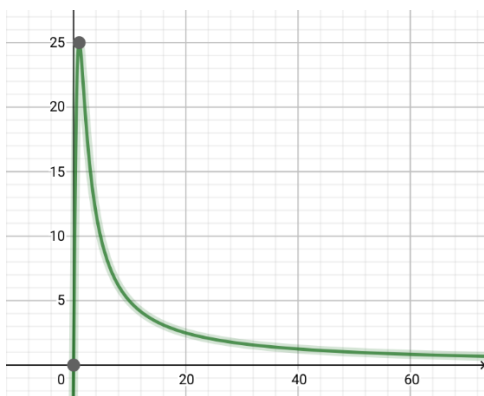
secondo ed il terzo giorno dall'inoculazione del virus. Considerazioni analoghe potrebbero essere fatte per quanto riguarda il periodo di latenza del patogeno e la durata del periodo infettivo.



La figura rappresenta i dati individuali raccolti per le singole funzioni. Anche qui, come discusso precedentemente nel caso del modello SIR, possiamo rintracciare una crescita e un successivo decadimento di tipo esponenziale.

ESEMPI DI ESERCIZI RISOLUBILI CON GLI STRUMENTI DA NOI STUDIATI

1. Nella figura è riportato il grafico della velocità di crescita di un'infezione virale $V(t) = \frac{50t}{1+t^2}$, misurata in termini del numero n di nuove infezioni nel tempo, espresso in mesi, da quando l'infezione è comparsa.



- i) Calcola quante persone dobbiamo aspettarci che siano state infettate dopo 4 mesi dall'inizio della diffusione, sapendo che $n=0$ quando $t=0$.
- ii) Calcola quante persone dobbiamo aspettarci che siano state infettate, nel momento in cui la velocità di diffusione è massima.

Procedimento:

- i) Calcolo innanzitutto l'integrale indefinito della funzione di cui sopra, per arrivare a definirne la primitiva:

$$\int \frac{50t}{1+t^2} = 50 \int \frac{t}{1+t^2}$$

Poiché 50 è un numero che moltiplica una variabile, posso spostarlo all'esterno dell'integrale. Posso ora dividerlo per 2 e moltiplicare per 2 al numeratore della funzione, in modo da ottenere un integrale del tipo $\int \frac{f^1(x)}{f(x)}$:

$$\frac{50}{2} \int \frac{2t}{1+t^2}$$

Sapendo che gli integrali di questo tipo hanno soluzione $\ln f(x)$, trovo la famiglia di funzioni:

$$25 \ln(1+t^2) + c$$

Devo poi determinare il valore di c:

$$f(0) = 25 \ln(1+0) + c$$

Da cui ricavo:

$$c = 0$$

Calcolo infine il valore della funzione nell'istante $t=4$ ed ottengo il risultato della prima richiesta.

$$f(4) = 25 \ln 17 = 71$$

ii) Voglio trovare il punto in cui la velocità di diffusione è massima. Inizio allora col calcolare la derivata prima della funzione velocità:

$$f^1(t) = \frac{50 - 50t^2}{(1+t^2)^2}$$

La pongo quindi uguale a zero, in modo da definirne i punti di massimo e minimo (in questo caso posso studiare solo il numeratore, poiché il denominatore è sempre di segno positivo):

$$50 - 50t^2 = 0 \quad \text{se } t = \pm 1$$

Eliminerò successivamente la soluzione negativa del tempo, ottenendo $t = 1$.

Sostituisco infine il valore 1 alla primitiva trovata nel punto precedente ed ottengo il risultato della seconda richiesta:

$$f(1) = 25 \ln 2 = 17$$

2. Una popolazione di batteri cresce ad una velocità $V(t)$ (misurata in numero di batteri all'ora) che è ben modellizzata dalla funzione: $V(t) = \frac{150}{(t+1)^2}$, con $t \geq 0$:

- i) Di quanto cresce la popolazione nelle prime 4 ore dall'istante iniziale di osservazione ($t=0$)?
- ii) Sapendo che nell'istante iniziale di osservazione la popolazione era costituita da 200 batteri, determina l'espressione analitica della funzione $P(t)$ che esprime il numero di batteri all'istante t .
- iii) In base al modello determinato al punto precedente, qual è l'evoluzione della popolazione nel lungo periodo? Una popolazione di batteri di una specie diversa dalla precedente cresce ad una velocità $V^*(t)$ che è ben modellizzata dalla funzione: $V^*(t) = \frac{150}{t+1}$ con $t \geq 0$.
- iv) Stabilisci, senza fare calcoli e giustificando adeguatamente la risposta, se la crescita della popolazione di batteri di quest'ultima specie nelle prime 4 ore di osservazione risulta minore o maggiore di quella della specie considerata inizialmente. Calcola poi esattamente a quanto ammonta la differenza tra il numero di batteri di cui è cresciuta la prima popolazione ed il numero di batteri di cui è cresciuta la seconda nelle prime 4 ore dall'inizio dell'osservazione.

Procedimento:

i) $\int_0^4 \frac{150}{(t+1)^2} = 120$

- ii) Per definire la funzione $P(t)$ risolvo l'integrale indefinito di $V(t)$ e calcolo il parametro c :

$$\int \frac{150}{(t+1)^2} = -\frac{150}{t+1} + c$$
$$-\frac{150}{t+1} + c = 200$$

Da cui ottengo che $c=350$, allora:

$$P(t) = 350 - \frac{150}{t+1}$$

- iii) In base al modello determinato al punto precedente, la popolazione di batteri si evolve avvicinandosi al numero di 350 individui.
- iv) La crescita della seconda specie di batteri è maggiore, in quanto il denominatore è più piccolo di quello della funzione precedente.

$$\int_0^4 \frac{150}{t+1} dt \approx 241,4$$

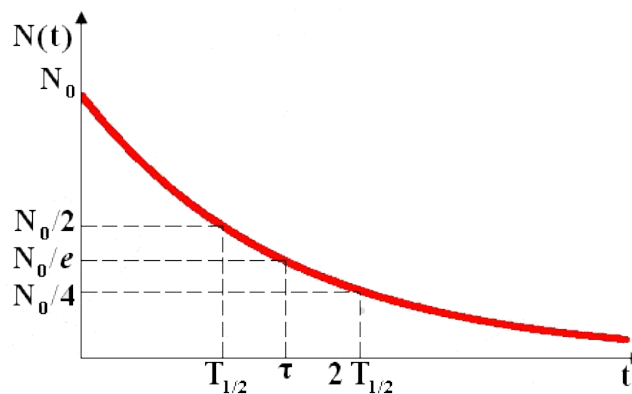
La differenza tra il numero dei batteri di cui sono cresciute le due popolazioni nelle prime 4 ore ammonta a 121,4 batteri.

IL DECADIMENTO RADIOATTIVO

Un altro esempio di decadimento esponenziale è il decadimento radioattivo, ovvero il processo durante il quale gli atomi di materiale radioattivo, instabili, trasmutano in nuclidi stabili, cioè decadono. In base ai principi della Meccanica Quantistica, il decadimento spontaneo di un nucleo è un avvenimento puramente casuale. Tuttavia, se è vero che risulta impossibile determinare l'istante in cui il nucleo di un atomo si disintegrerà, è pur sempre possibile predire la probabilità che ha un certo numero di nuclei di disintegrarsi in un certo intervallo di tempo, tramite la legge del decadimento radioattivo:

$$N(t) = N_0 e^{-\lambda t}$$

dove N_0 è il numero di nuclei iniziali, λ la costante di decadimento radioattivo e t il tempo trascorso. L'andamento di tale curva è il seguente:

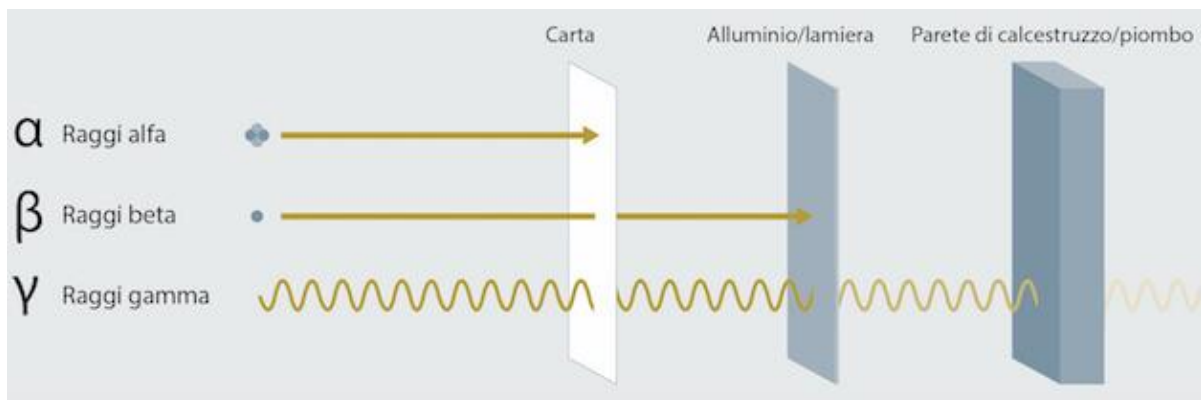


La diminuzione, come si può notare, è graduale, cosicché la funzione tende a zero dopo un tempo piuttosto lungo. L'intervallo di tempo dopo il quale il numero di nuclei si è dimezzato si dice poi emivita o tempo di dimezzamento, avente formula:

$$T_{1/2} = \frac{\ln 2}{\lambda}$$

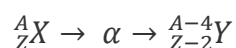
Per dare un'idea del tempo necessario a smaltire anche una quantità minima di scorie radioattive, basti pensare che il tempo di dimezzamento dell' ^{238}U è di circa $4,468 \times 10^9$ anni.

Esistono vari tipi di decadimento radioattivo; ciò si deve al fatto che esistano differenti tipi di radiazioni o raggi. La radioattività naturale, scoperta dal francese Henri Becquerel nel 1896, ne produce tre, battezzati rispettivamente raggi α , β e γ , in base alla loro carica e capacità penetrativa. I primi esperimenti riguardanti questo fenomeno furono condotti utilizzando un campione di materiale radioattivo (verosimilmente polonio) contenuto in un cilindro di piombo con un piccolo foro. Il cilindro era posto in una camera a vuoto ed immerso in un campo magnetico. Vi era poi una lastra fotografica, sulla quale avrebbero dovuto imprimeri le tracce delle radiazioni rilevate. Analizzando la posizione delle tre macchie, si evince che due dei fasci subiscono una deviazione: sono perciò elettricamente carichi. In particolare, i raggi α (che altro non sono che nuclei di elio) risultano carichi positivamente, e sono talmente poco energetici da poter essere bloccati anche da un foglio di carta; i raggi β , che si pensava fossero elettroni provenienti dal nucleo, risultano carichi negativamente, e sono leggermente più penetranti, tanto da essere bloccati solo da una lastra di alluminio; infine i raggi γ , fotoni emessi dopo una diseccitazione degli elettroni del nucleo, hanno carica neutra, ma sono altamente penetranti, nonché dannosi per la salute umana.

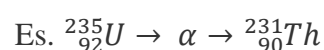


IL DECADIMENTO α

Come asserito precedentemente, i raggi α sono costituiti da due nuclei di elio (${}^4_2\text{He}$). Di conseguenza, una sola di queste particelle ha carica pari a $+2e$ ed un numero totale di nucleoni uguale a 4. Possiamo allora descrivere il comportamento di un isotopo nel momento in cui emette una particella di questo tipo. Perciò, detti X il nuclide, A il numero di massa e Z il numero atomico, si può scrivere che:

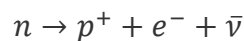


E cioè, nel momento in cui un isotopo emette una particella α , il suo numero di massa diminuisce di 4 unità, mentre il numero atomico diminuisce di 2 unità. Il nuclide inoltre, al variare di A e Z trasmuta in un elemento (Y) diverso da quello di partenza.

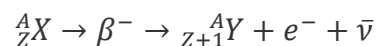


IL DECADIMENTO β

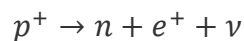
Il fatto che gli elementi abbiano tempi e costanti di dimezzamento molto diversi, ci fa intuire che i nuclei sono differenti l'uno dall'altro: hanno cioè una struttura interna. Tuttavia, il dibattito sorto per stabilire quale essa fosse fu molto controverso. Un primo modello venne fornito dall'inglese Sir Frederick Soddy, il quale avanzò l'ipotesi che il nucleo potesse essere composto da un numero A di protoni ed un numero $(A-Z)$ di elettroni. Questo modello venne poi scartato nel 1930, quando Irène e Frèdèric Joliot-Curie notarono che, bombardando della paraffina con raggi α , si otteneva l'espulsione da questa di protoni ad alta energia: erano i neutroni, tutt'oggi chiamati col nome che James Chadwick diede loro. La scoperta del neutrone, di conseguenza, portò alla correzione del modello di Soddy, ipotizzando piuttosto un nucleo composto da Z protoni e $(A-Z)$ neutroni. Nonostante fosse stato formulato un nuovo modello nucleare, restava comunque da risolvere il problema del decadimento β , ovvero: se nel nucleo non sono presenti elettroni, come facciamo ad osservare proprio queste particelle quando vengono emessi raggi β ? Fu Enrico Fermi a rispondere al quesito, spiegando che gli elettroni che rileviamo non sono né elettroni del nucleo, né particelle omologhe orbitanti intorno ad esso, ma sono piuttosto il frutto del decadimento di un neutrone, il quale dà origine ad un elettrone ed un protone, oltre che ad un antineutrino, necessario per mantenere costante la quantità di moto.



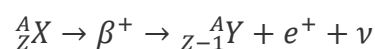
La formula del decadimento β (in questo caso β^-) è allora la seguente:



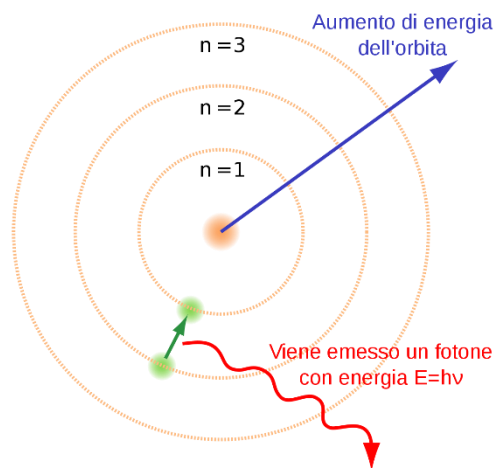
Si noti quindi che A rimane invariato, poiché l'elettrone ha massa trascurabile; Z , invece, aumenta di una unità, avendo acquistato un protone. Esiste anche un altro tipo di decadimento β , il decadimento β^+ , in cui, invece di emettere un elettrone, il nucleo emette un positrone (ovvero una particella uguale in tutto e per tutto alla prima, ma avente carica positiva); invece di emettere un antineutrino emette un neutrino e invece ad essere un neutrone a decadere, questa volta decade un protone.



Si avrà allora che:

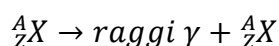


IL DECADIMENTO γ



Come anticipato nell'introduzione riguardo i vari tipi di radiazioni che avremmo analizzato, i raggi γ sono generati dalle diseccitazioni nucleari. Questo accade in quanto, per saltare da un livello energetico all'altro, e cioè passare allo stato eccitato, l'elettrone ha bisogno che gli venga fornita energia. Esso però non può rimanere in questa condizione per un tempo indefinito, ed è quindi costretto a tornare sul livello energetico più basso, emettendo la differenza di energia sotto forma di radiazione elettromagnetica ad

altissima frequenza (fotone), che altro non è che un raggio γ . Allora la formula del decadimento sarà:



Non si ottiene quindi alcun tipo di trasmutazione.

LA RADIODATAZIONE

Un'importante applicazione di quanto detto finora è la radiodatazione, ovvero la datazione di reperti geologici o archeologici ottenuta sfruttando la radioattività naturale. Tutti gli organismi viventi, infatti, scambiano continuamente carbonio con l'atmosfera (basti pensare ai meccanismi di fotosintesi delle piante o a quelli di respirazione cellulare). Perciò, finché essi si mantengono in vita, il rapporto tra la loro concentrazione di ^{14}C e gli altri isotopi del carbonio rimarrà costante, e uguale a quella che si riscontra all'interno dell'atmosfera. Dopo la morte, invece, i processi di scambio si arrestano, ed i nuclei rimasti nell'organismo iniziano a decadere. A questo punto, utilizzando uno spettrometro di massa, possiamo misurare con grande precisione la quantità di ^{14}C e confrontarla con isotopi stabili (che quindi non decadono) come il ^{12}C , ottenendo così l'età del campione. Con questo tipo di radiodatazione si ottengono misure con un margine di errore compreso tra il 2% e il 5%, e con un'età massima di 50.000 anni. Esistono poi numerosi altri metodi di datazione, che rendono possibile eseguire classificazioni di campioni più antichi, come quello del potassio-argo o quello dell'uranio-piombo.

BIBLIOGRAFIA E SITOGRAFIA

Quammen D. (2014), “Spillover”, Adelphi edizioni, Milano

Sasso L. (2016), “La matematica a colori 5, edizione blu per il quinto anno”, De Agostini scuola, Novara

Cutnell J., Johnson K., Young D. e Stadler S. (2015), “I problemi della fisica, induzione e onde elettromagnetiche. Relatività, atomi e nuclei”, trad. A. Romeni e E. Cuccadu, Zanichelli editore, Bologna

<http://www.fmboschetto.it/tde4/frame.htm>

Commissione Europea: <https://cordis.europa.eu/article/id/89880-modelling-an-influenza-pandemic/it>

Carini L., Carrat F., “Population Modeling of Influenza A/H1N1 Virus Kinetics and Symptom Dynamics”, American Society of microbiology, journal of virology
<https://jvi.asm.org/content/85/6/2764>

Organizzazione Mondiale per la Sanità: <https://www.who.int/>