

Dinamica di popolazioni da Volterra alle epidemie (passando per Turing): spunti per un percorso didattico

Maria Francesca Carfora

Istituto per le Applicazioni del Calcolo «Mauro Picone»
Consiglio Nazionale delle Ricerche

Cosa vogliamo rappresentare

- Una **popolazione**
- Una **comunità**
- Un **ecosistema**

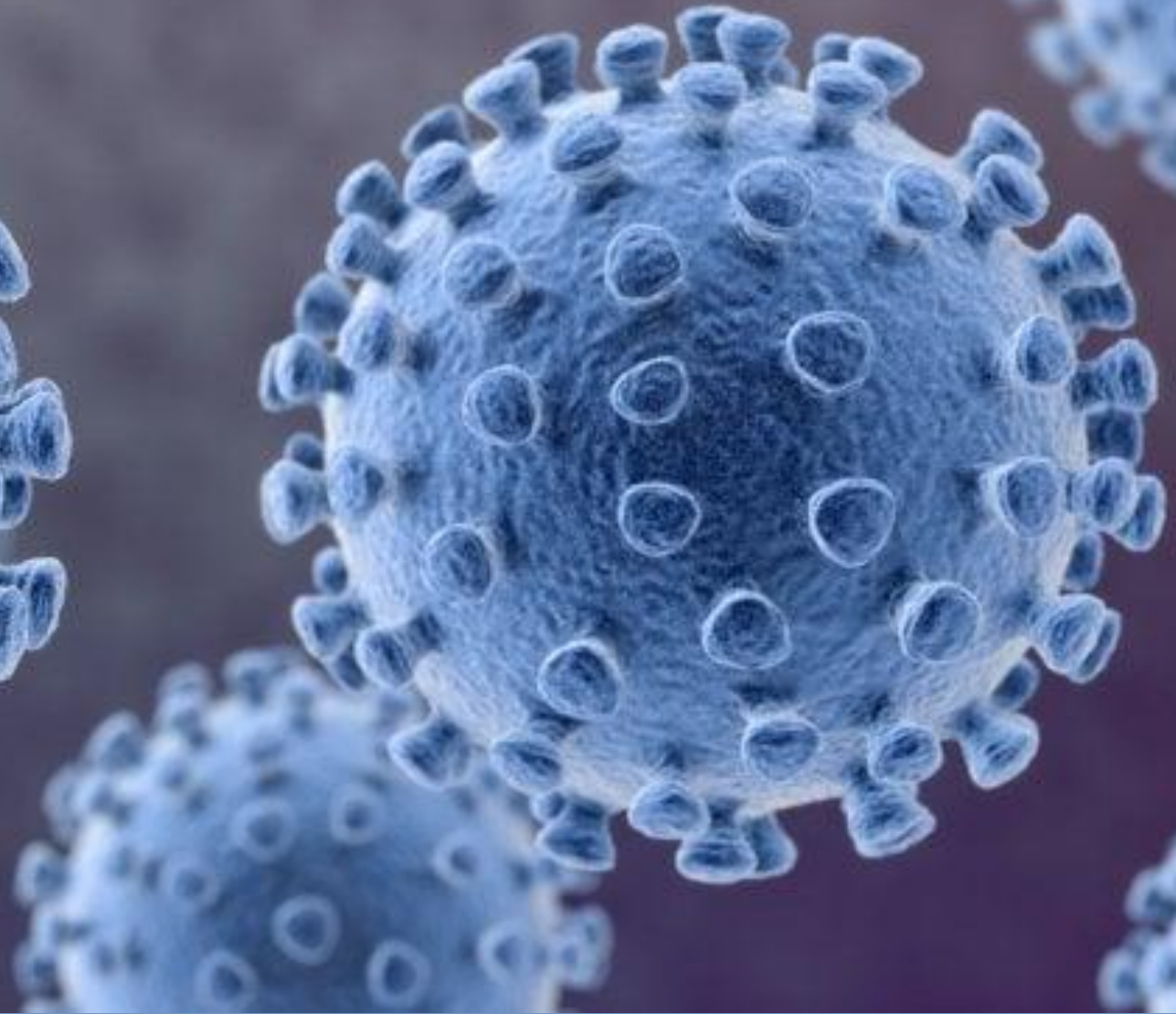
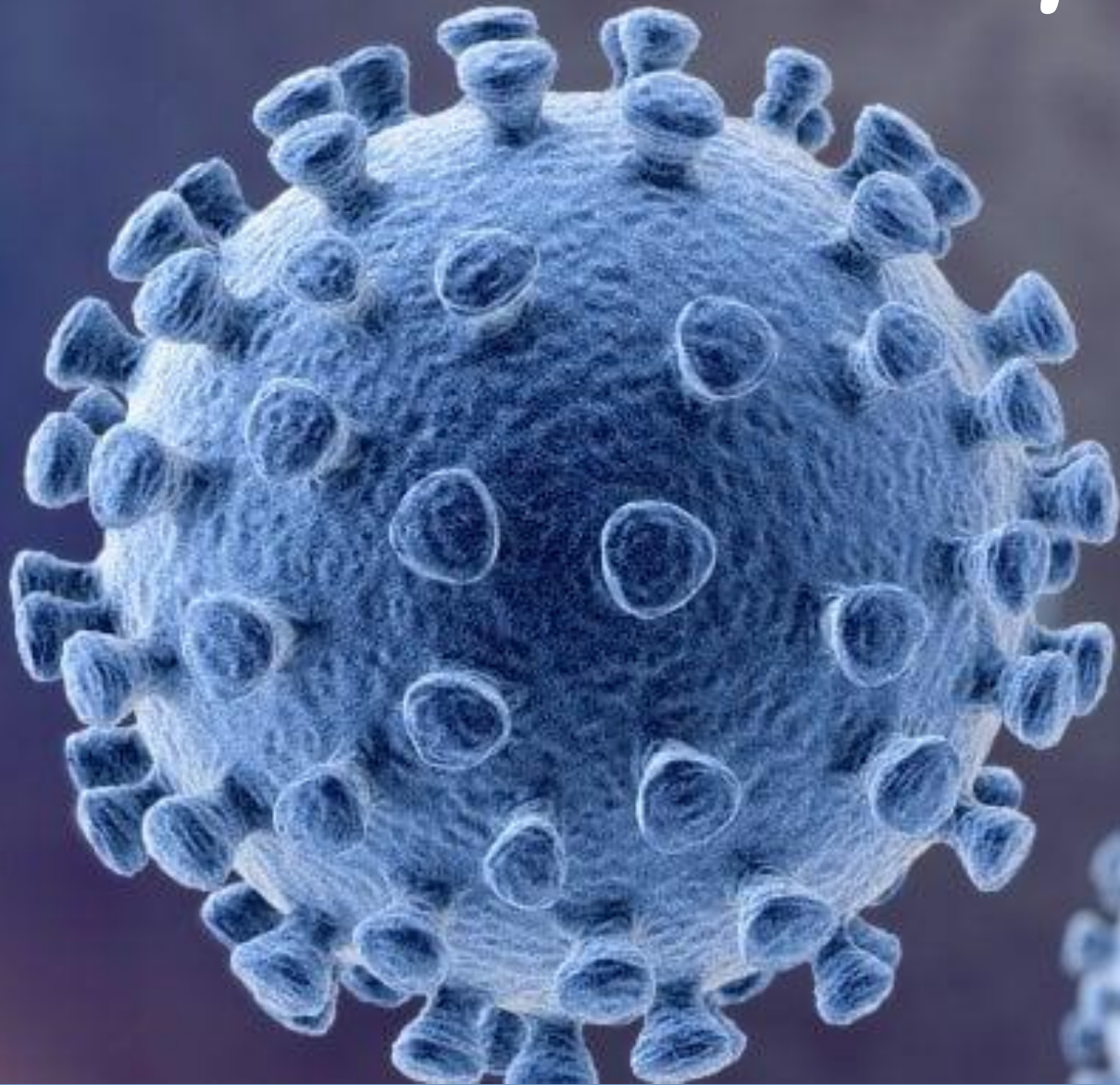
Popolazione



Prede e predatori



Epidemie



I conigli di Fibonacci

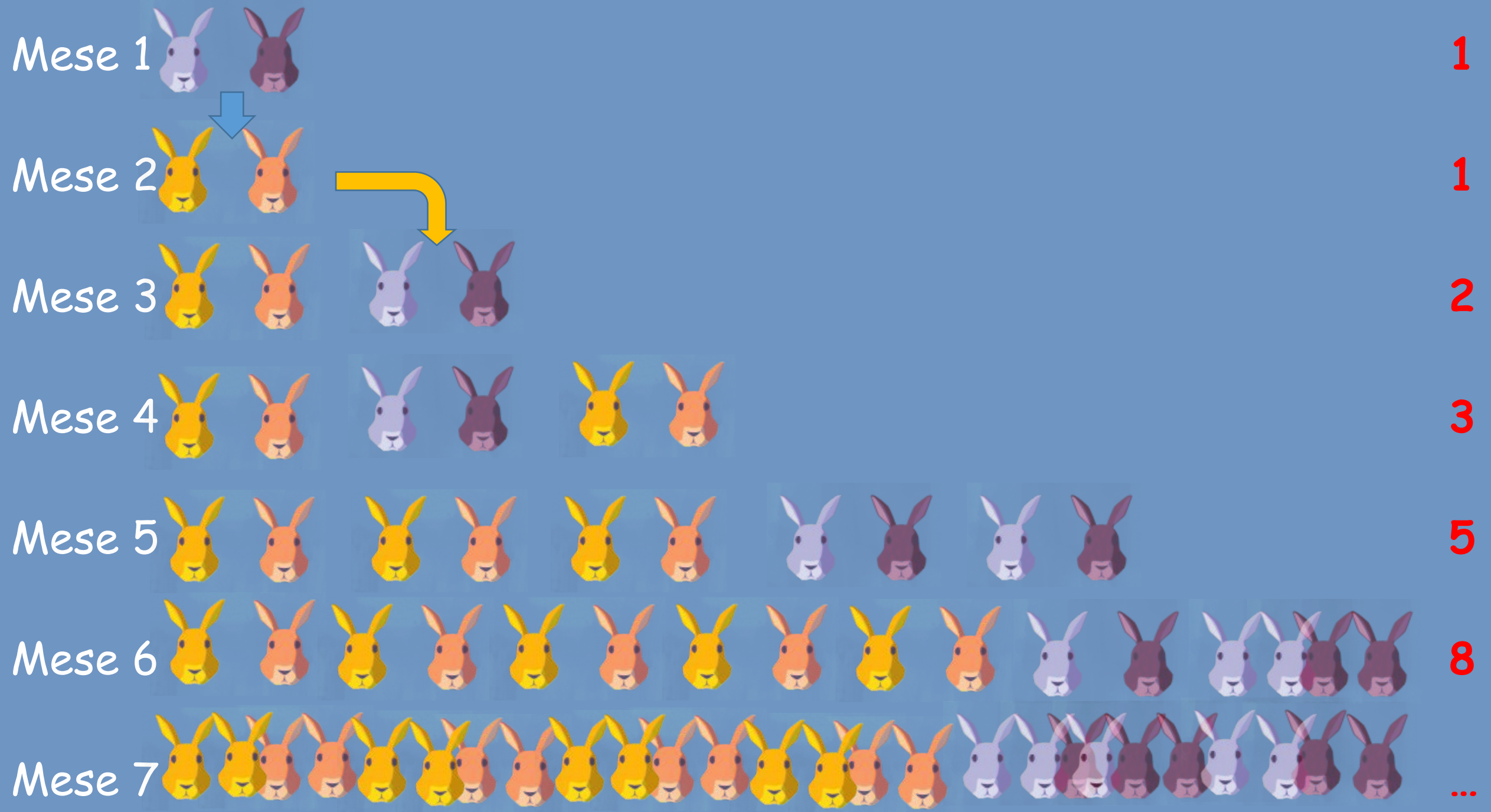
Leggiamo cosa scrive Leonardo Pisano nel capitolo 12 del **Liber Abaci**:

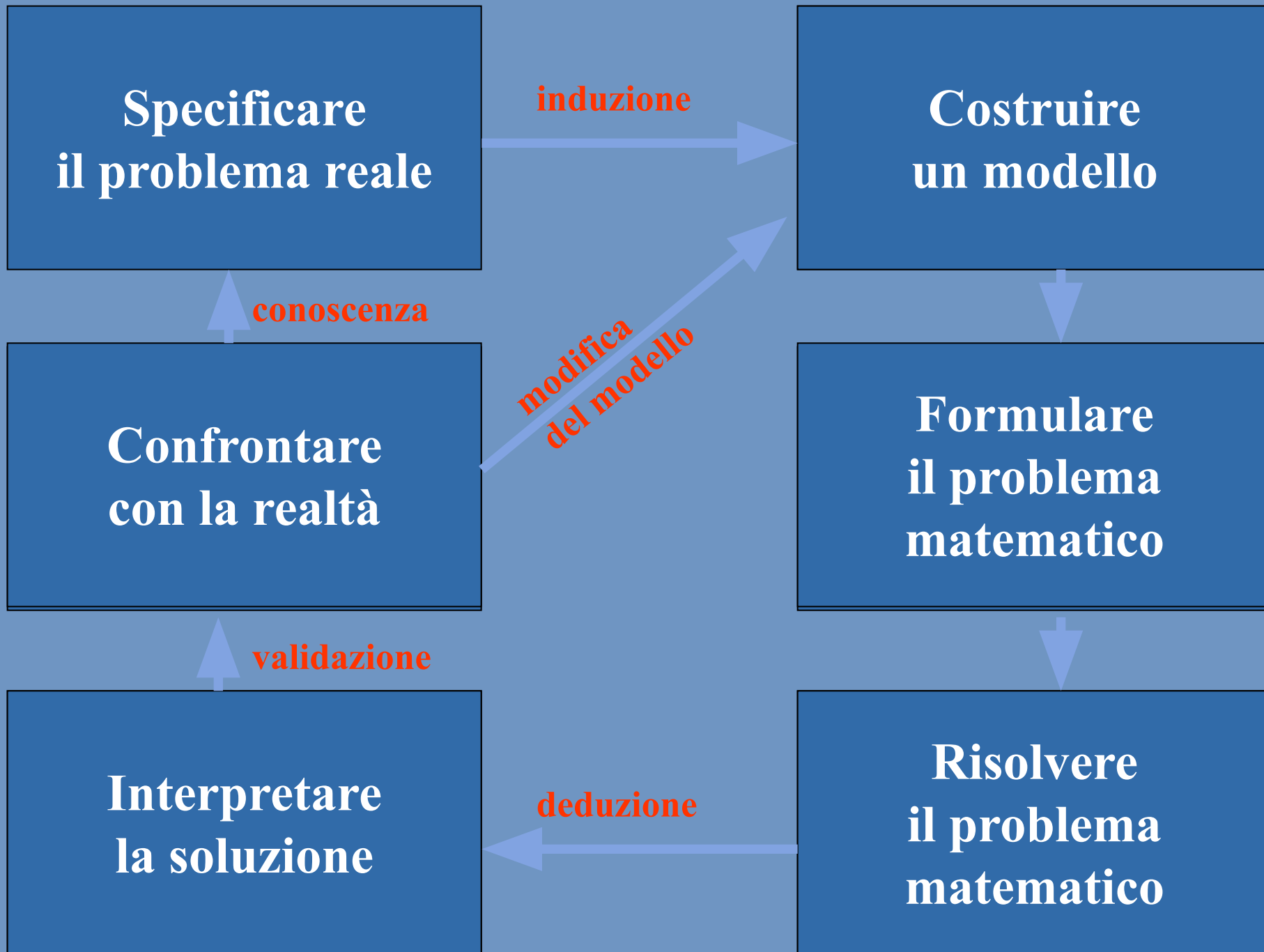
«Un tale mise una coppia di conigli in un luogo completamente circondato da pareti, per scoprire quante coppie di conigli discendono da questa in un anno.

Per natura una coppia di conigli genera in un mese un'altra coppia, e cominciano a procreare a partire dal secondo mese di vita»

Il libro di Leonardo







Come procedere?

- **comprensione del fenomeno**(approccio intuitivo, qualitativo)
- **simulazione del modello**
- **risoluzione del modello**

Il modello più semplice

modello discreto

$$N_{t+1} = N_t + bN_t - dN_t$$

↑
Individui al tempo t+1

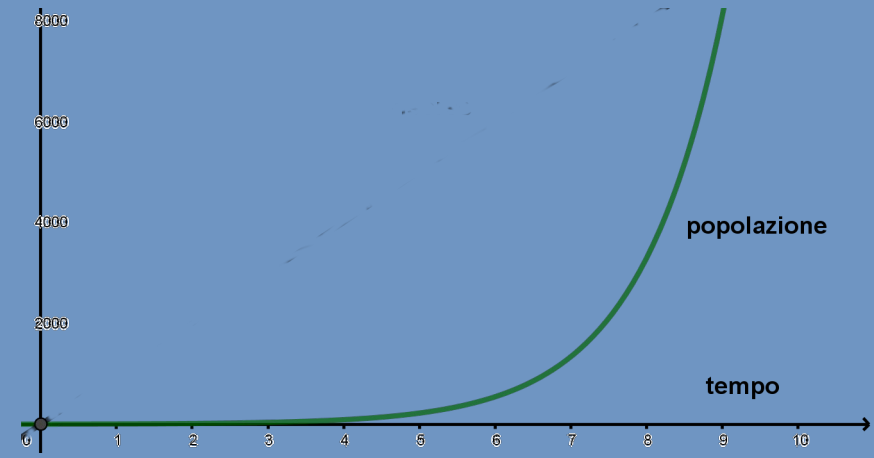
↑
nascite

↑
morti

modello continuo

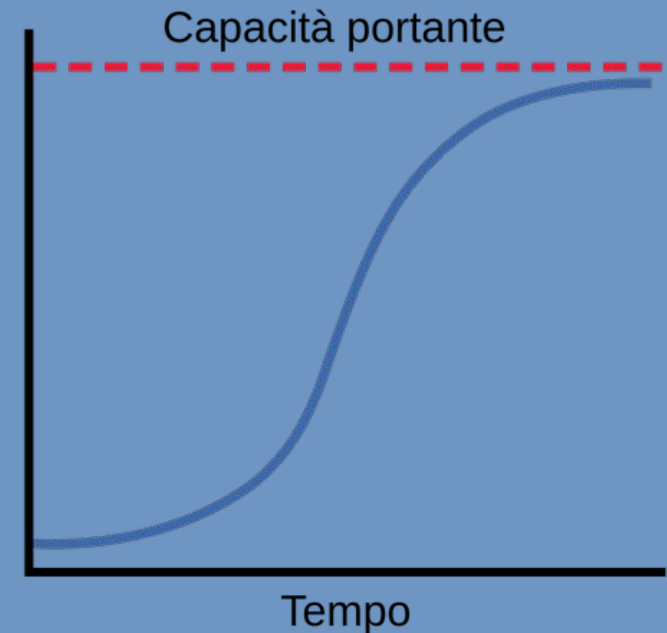
$$\frac{dN}{dt} = (b - d)N$$

$$\frac{dN}{dt} = r N \quad (\text{Eulero, Malthus - crescita esponenziale})$$



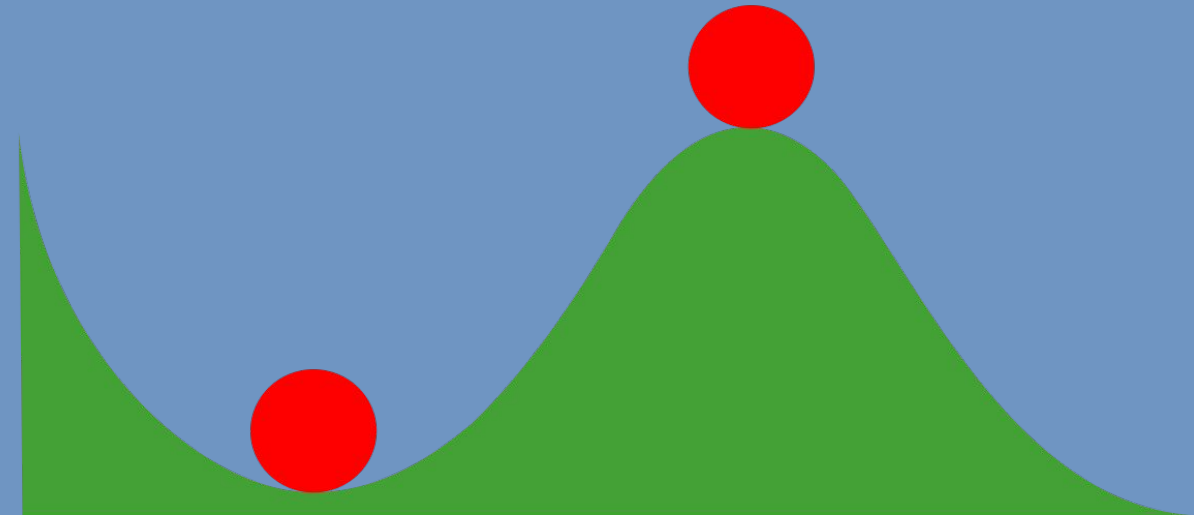
Possiamo fare di meglio:

$$\frac{dN}{dt} = r N \left(1 - \frac{N}{K} \right) \quad (\text{Verhulst - crescita logistica})$$



Dove andremo a finire?

- Concetto di equilibrio
- Equilibri possibili per una popolazione con crescita esponenziale o logistica



Varianti e modifiche al modello

- Discreto o continuo?
- Deterministico o stocastico?
- Funzione di crescita – effetto Allee – crescita logistica
- Crescita con ritardo – capacità riproduttiva variabile - Struttura di età

Alessandro Bilotta
Dario Grillotti

La funzione del mondo

UNA STORIA DI VITO VOLTERRA

edizioni

Eltrinelli
Comics





Due popolazioni:

$$\underbrace{x_{n+1} - x_n}_{\text{variazione delle prede}} = \underbrace{a_1 x_n}_{\text{prede neonate}} - \underbrace{b x_n y_n}_{\text{prede mangiate}} - \underbrace{a_2 x_n}_{\text{prede morte per cause naturali}}$$

$$\underbrace{y_{n+1} - y_n}_{\text{variazione dei predatori}} = \underbrace{d x_n y_n}_{\text{predatori neonati}} - \underbrace{c y_n}_{\text{predatori morti per cause naturali}}$$

La contemporanea presenza di prede e predatori introduce termini non lineari. L'incontro tra preda e predatore si traduce in una diminuzione delle prede e un aumento dei predatori.

Due popolazioni:

$$\frac{dx}{dt} = Ax - Bxy$$

$$\frac{dy}{dt} = Cxy - Dy$$

prede

predatori

Interazione

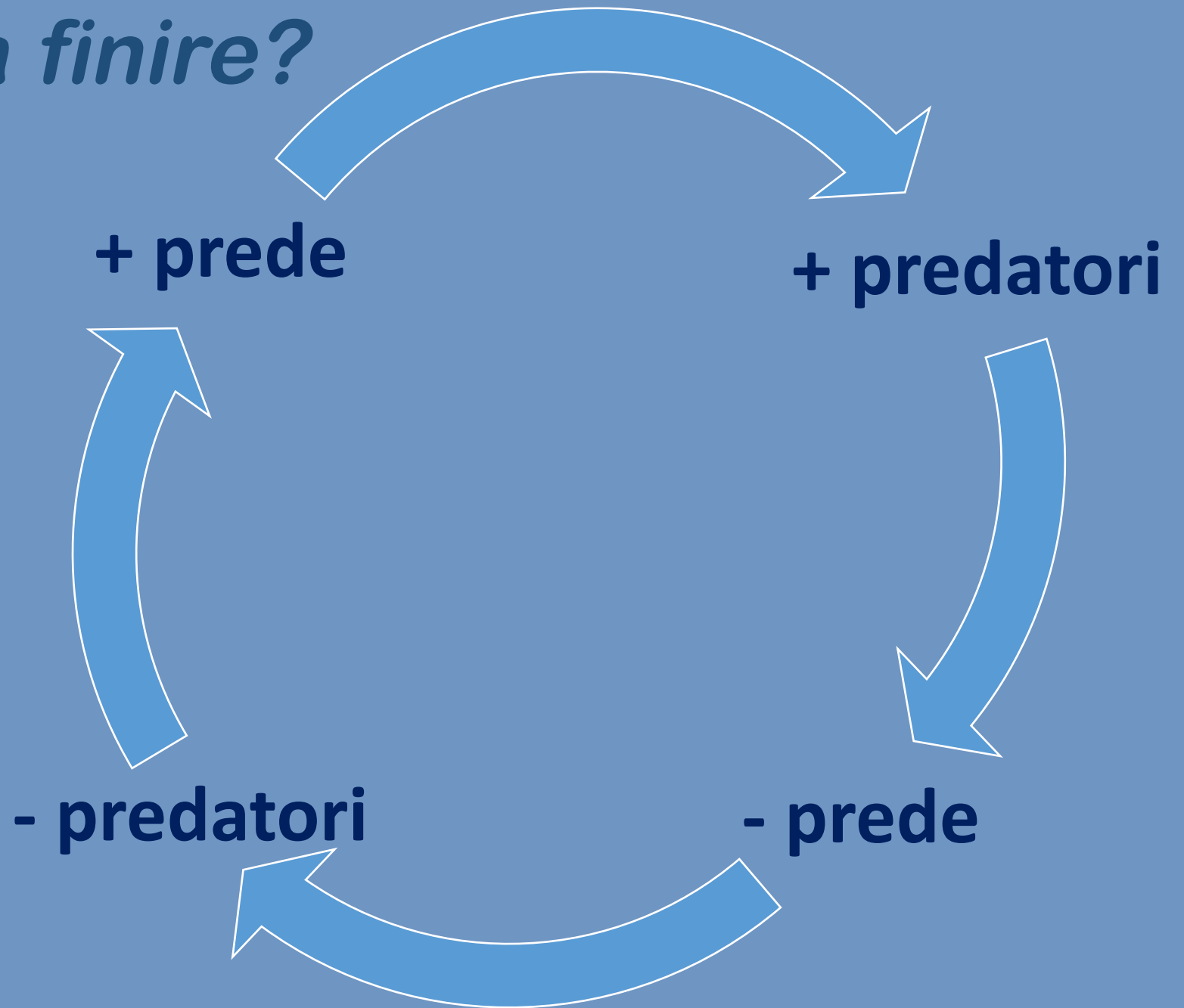
Limiti del modello

- la popolazione delle prede cresce esponenzialmente in assenza di predatori;
- la popolazione di predatori si estingue in assenza di prede;
- i predatori possono consumare infinite quantità di prede;
- non c'è complessità ambientale (ambiente omogeneo).

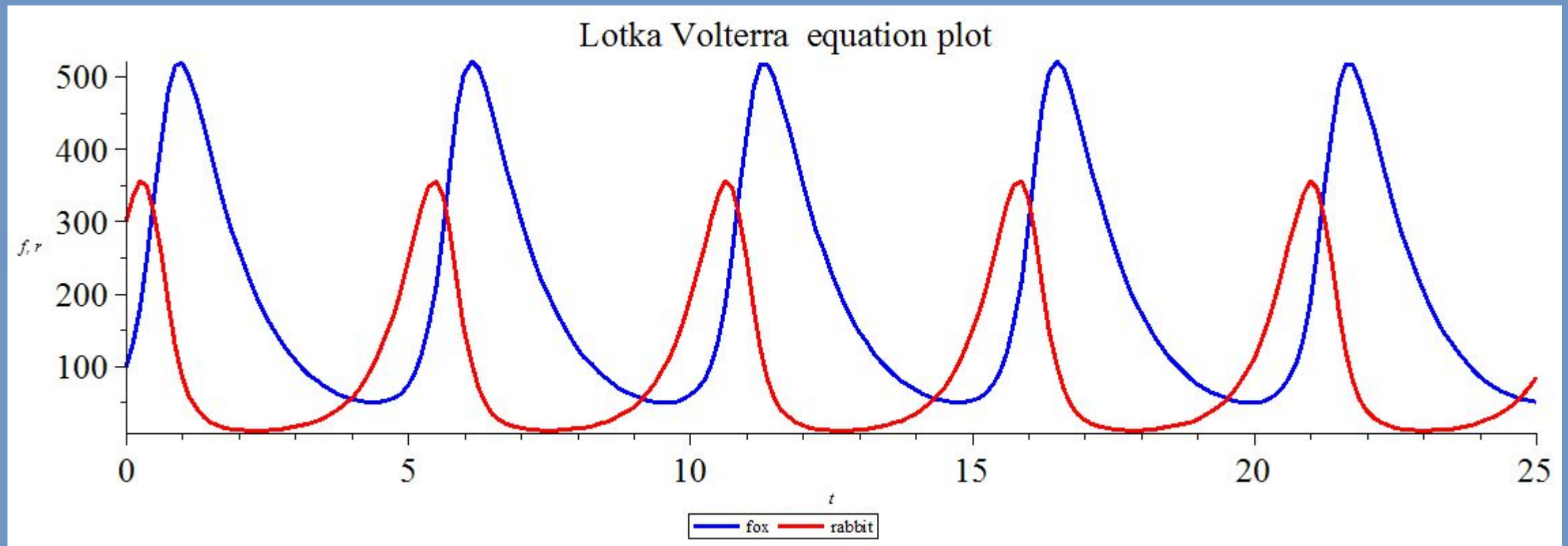
Dove andremo a finire?

Equilibri:

- Estinzione delle popolazioni
- Estinzione dei predatori
- Coesistenza



Equilibri:



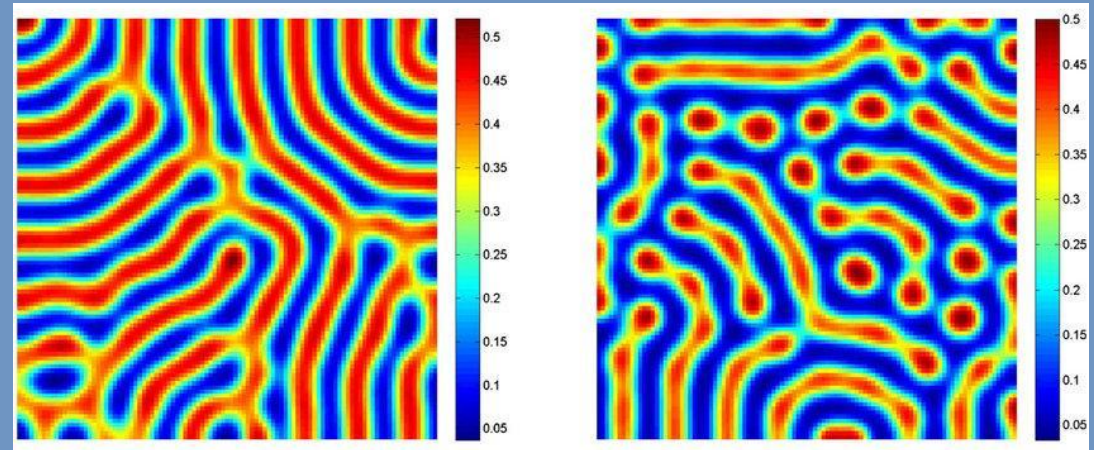
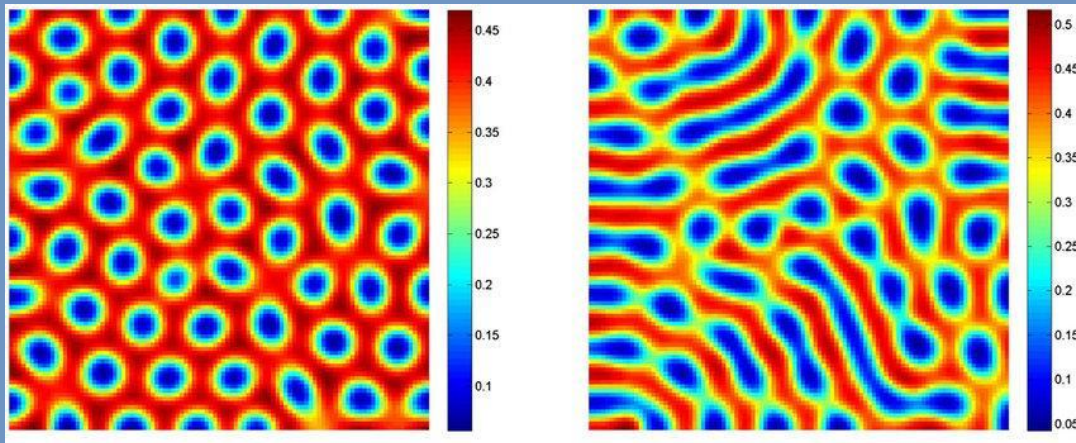
Modelli più realistici includono:

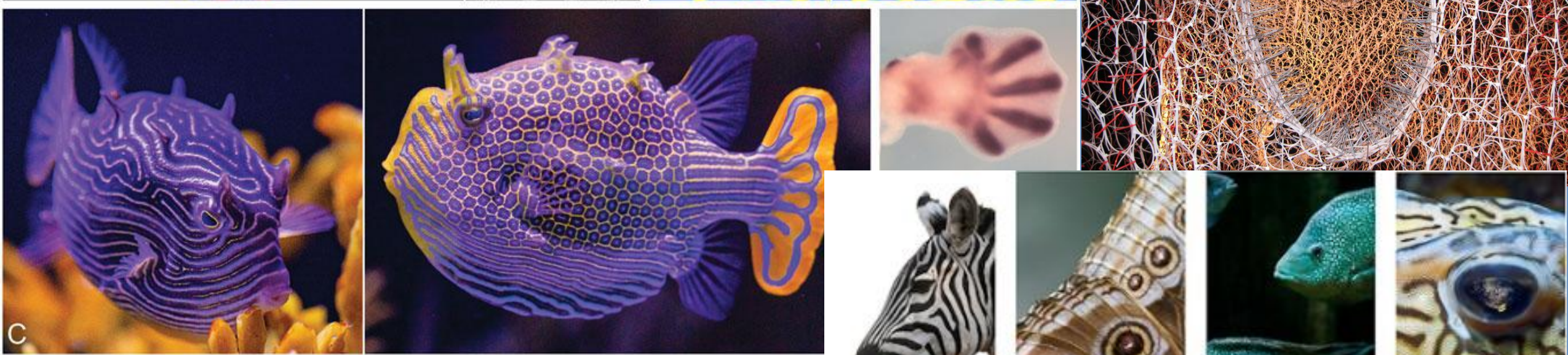
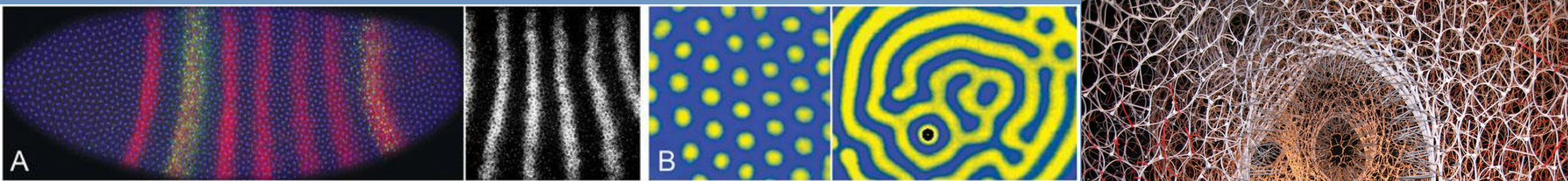
- limitatezza delle risorse (crescita logistica);
- cooperazione tra le prede;
- cooperazione/competizione tra i predatori;
- effetto della paura nelle prede;
- complessità ambientale (ambiente non omogeneo);
- dispersione di prede e predatori nell'ambiente.

Pattern di Turing

Introduciamo lo spazio nel nostro modello, per poter rappresentare il movimento (casuale) delle popolazioni nell'ambiente.

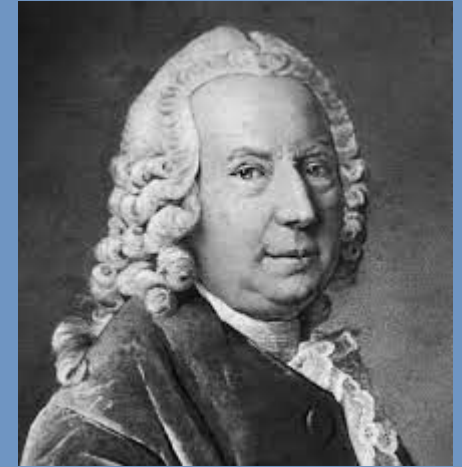
Differenti velocità in questi moti possono portare a equilibri disomogenei spazialmente (pattern)





Epidemie – 1 (Bernoulli e il vaiolo, 1776)

$$\frac{dS}{dx} = -qS - m(x)S$$
$$\frac{dR}{dx} = q(1 - p)S - m(x)R$$



- $S(x)$ persone di età x mai contagiate
- $R(x)$ persone di età x sopravvissute
- Tasso di mortalità con la prima infezione p
- Tasso di contagio annuo q
- Tasso di mortalità per altre cause $m(x)$

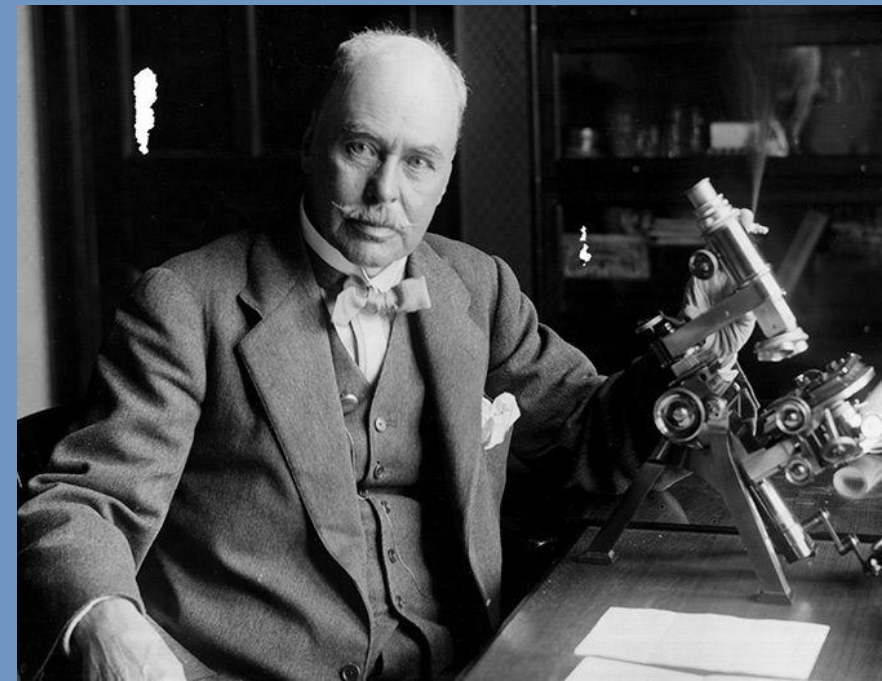
Epidemie – 2 (Ross e la malaria, 1911)

$$\frac{dI}{dt} = b p' i \frac{N - I}{N} - a I,$$

$$n^* = \frac{a m N}{b^2 p p'}$$

- N popolazione umana
- n popolazione di zanzare
- $I(t)$ umani infetti
- $i(t)$ zanzare infette
- b frequenza di puntura
- p (p') probabilità di trasmissione da uomo a zanzara (da zanzara a uomo) in una puntura
- a tasso di guarigione degli umani
- m mortalità delle zanzare

$$\frac{di}{dt} = b p (n - i) \frac{I}{N} - m i.$$



Epidemie – il modello SIR Kermack e McKendrick

In una popolazione di N individui $N=S+I+R$

- S, suscettibili;
- I, infetti/infettivi;
- R, recuperati o rimossi.

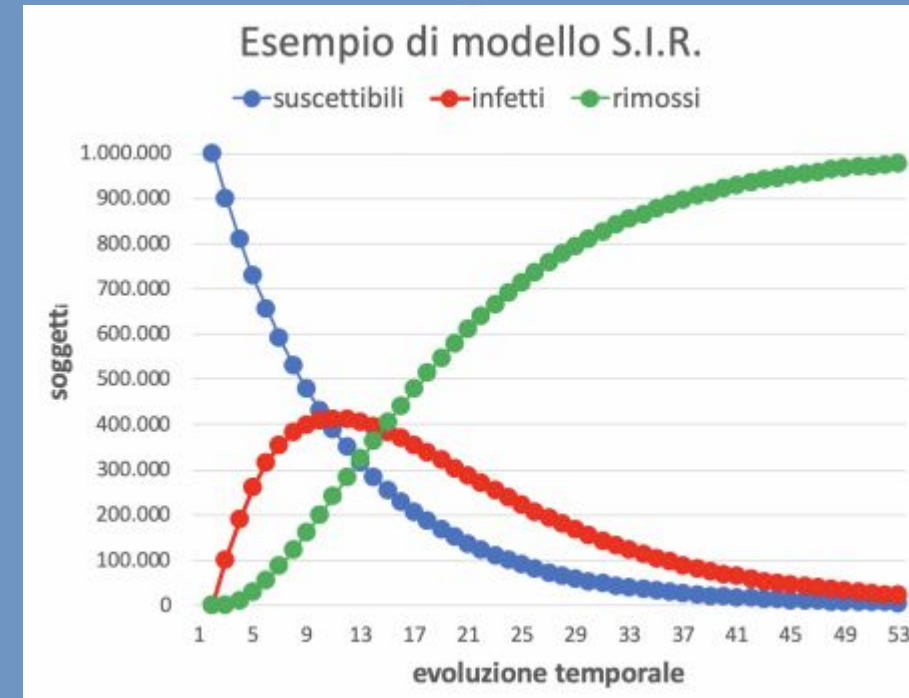
$$S_{n+1} = S_n - \beta \frac{S_n I_n}{N}$$

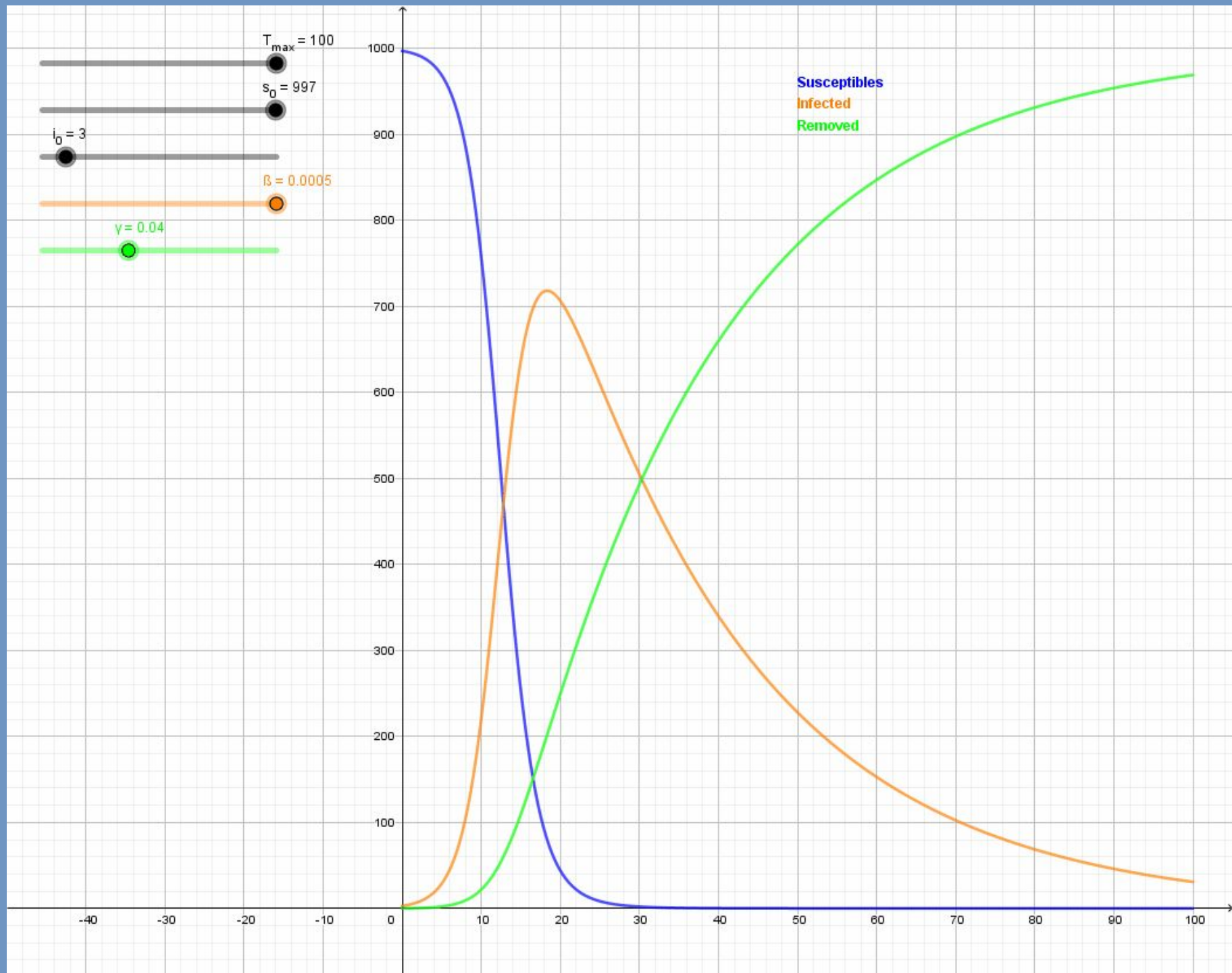
$$I_{n+1} = I_n + \beta \frac{S_n I_n}{N} - \gamma I_n$$

($R_{n+1} = \gamma I_n$)

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

$$\mathcal{R}_0 \leq \frac{N}{S_0}$$





Bibliografia

- A. Bilotta, D. Grillotti, La funzione del mondo. Una storia di Vito Volterra, Feltrinelli Comics (2020).
- Comics & Science – The Fibonacci Issue, Ed. CNR (2020).
- A. Quarteroni, P. Gervasio, I delfini delle Eolie, Zanichelli (2019).
- Bacaer, Una breve storia matematica della dinamica delle popolazioni (pdf online, 2021)
- J.D. Murray, Mathematical Biology - 1. An Introduction, Springer (2002).

Grazie per l'attenzione!