

## Un esercizio sull'epidemia da Covid-19 in corso

Giovanni Corrao, Federico Rea  
Milano, 2 marzo 2020

### Background

Questo documento descrive il classico modello compartimentale deterministico SIR per simulare il decorso di un'epidemia. Il modello SIR è stato utilizzato per la prima volta da *Kermack* e *McKendrick* nel 1927 ed è stato successivamente applicato a una varietà di malattie, in particolare malattie trasmissibili per via respiratoria con immunità permanente conferita dall'infezione, come morbillo, parotite, rosolia e pertosse.

Nel modello SIR, S, I e R rappresentano rispettivamente il numero di individui suscettibili, infetti e guariti, essendo  $N (=S+I+R)$  la popolazione totale. I suscettibili (S) non hanno mai sperimentato l'infezione, e sono in grado di contrarla. Una volta che contraggono l'infezione, essi si spostano nel compartimento degli infetti. Gli infetti (I) possono diffondere l'infezione a soggetti suscettibili nel tempo che trascorrono nel corrispondente compartimento (periodo infettivo), trascorso il quale entrano nel compartimento dei guariti. Nel modello SIR, gli individui guariti (R) sono considerati tali per la vita.

Assumiamo che gli incontri tra individui infetti e suscettibili si verifichino con tasso proporzionale alle loro rispettive numerosità. Il tasso di nuove infezioni può quindi essere definito come  $\beta \cdot SI$ , dove  $\beta$  è il parametro della contagiosità dell'infezione. Si presume che gli infetti risolvano il loro stato con una probabilità costante in qualsiasi momento, il che si traduce in un tasso di guarigione costante che denotiamo con  $\gamma$ , e quindi in un tasso complessivo di guarigione  $\gamma \cdot I$  (da notare che  $1/\gamma$  indica la durata media dello stato di infezione/contagiosità). Sulla base di questi presupposti possiamo disegnare lo schema del modello



Se il decorso dell'infezione è breve (focolaio emergente) rispetto alla vita di un individuo e la malattia non è fatale, le dinamiche vitali (nascita e morte) possono essere ignorate. Nella forma deterministica, il modello SIR può essere scritto con la seguente equazione differenziale ordinaria:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta \cdot SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta \cdot SI}{N} - \gamma \cdot I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I$$

Utilizzando questo modello, prenderemo in considerazione un'epidemia causata da un agente infettivo trasmesso per via respiratoria in una popolazione chiusa. La popolazione è chiusa perché isolata (assenza di immigrazione ed emigrazione). Inoltre, data la scala temporale dell'epidemia, non prenderemo in considerazione il turnover demografico (nascita o morte). Si assume infine che tutte le infezioni si risolvano con la guarigione. In questa condizione, la dimensione della popolazione ( $S+I+R$ ) è quindi costante ed uguale alla dimensione della popolazione iniziale, che denotiamo con  $N$ .

In ogni epidemia, il parametro indicato con  $R_0$ , ovvero:

*il numero di suscettibili in media contagiati da ogni infetto (in condizioni naturali, ovvero in assenza di misure contenitive,  $R_0=2.5$  nel caso del Covid-19; l'epidemia in corso è quindi sostenuta da un agente con contagiosità inferiore a quella del morbillo -  $R_0 = 15$  - e della parotite -  $R_0=10$  -),*

è cruciale in quanto determina il potenziale di trasmissione di un'epidemia. In particolare, se  $R_0 > 1$  la malattia si trasmette con diffusione epidemica, mentre se  $R_0 < 1$  allora l'epidemia non si verifica. Infatti, affinché l'epidemia si sviluppi (il contagio si propaghi) è necessario che ogni infetto abbia la possibilità di contagiare almeno un individuo suscettibile ( $R_0 > 1$ ). In caso contrario ( $R_0 < 1$ ) non c'è ragione perché ciò accada.

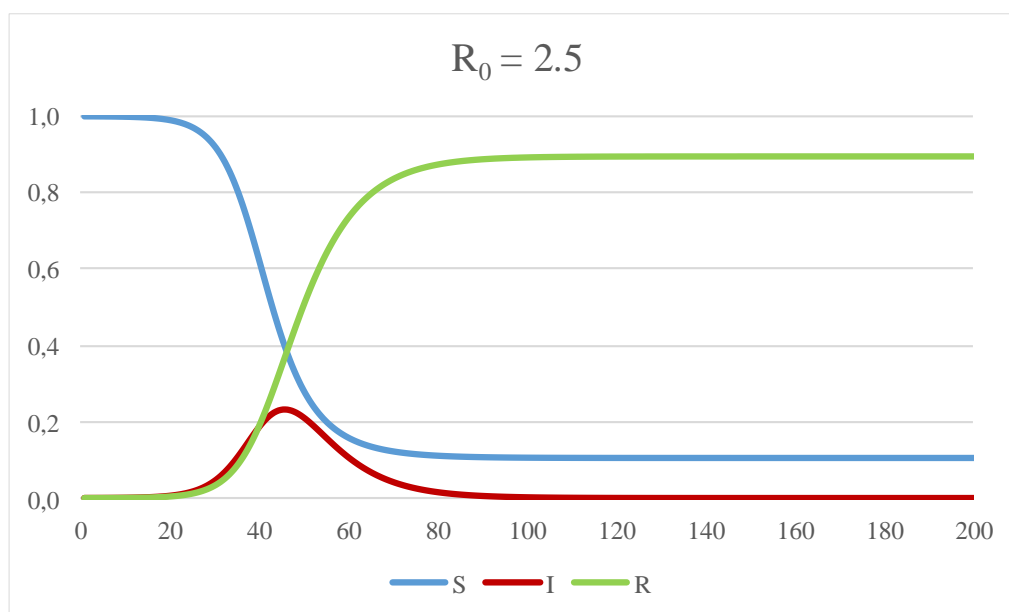
Per visualizzare il concetto, si immagini una situazione in cui un fenomeno epidemico si sviluppi senza alcun intervento preventivo. Se un contagiato (paziente zero) viene a contatto con una popolazione di suscettibili, il paziente contagerà due (o tre) persone, ognuna di queste ne contagia altre due (o tre), che a loro volta ne contagiano altre due (o tre) a testa. Questa crescita (esponenziale) rappresenta l'inizio di ogni epidemia. Nel primo periodo sempre più persone vengono contagiate e sempre più velocemente. Quanto velocemente dipende da  $R_0$  (dal grado di contagiosità, quindi). Ma anche dal parametro che prima abbiamo definito  $\gamma$  (che nel caso del Covid-19 è stimato essere circa  $\tau = 7$  giorni). Man mano che trascorre il tempo, tuttavia, le persone ancora in grado di essere contagiate si riducono (attenuando la crescita esponenziale dell'epidemia) fino a quando il loro numero è insufficiente per garantire che ogni nuovo infetto contagi almeno una persona. L'epidemia in questo modo si risolve naturalmente (fine

dell'emergenza). Gli interventi di sanità pubblica mirano a ridurre artificialmente le possibilità di contatto tra individui riducendo in tal modo la velocità di propagazione dell'epidemia e del numero di persone che contraggono l'infezione.

Vengono qui di seguito riportate i risultati di alcune simulazioni realizzate mediante una macro R disponibile on line (<https://www.r-bloggers.com/sir-model-with-desolve-ggplot2/>).

## Simulazione di base

La prima simulazione è costruita immaginando dunque che in una popolazione di individui tutti inizialmente suscettibili ( $N=S=10,000$ ) compaia il "paziente zero" infetto da Covid-19. Dalla figura seguente (ottenuta usando i parametri  $R_0=2.5$  e  $\gamma=7$  giorni), si evince che, in assenza di misure di contenimento, la curva epidemica avrebbe raggiunto il picco dopo 46 giorni (con una proporzione di nuovi contagi del 23.3%), per poi progressivamente ridursi. Dopo circa 80 giorni dall'inizio dell'epidemia, inoltre, la situazione si sarebbe stabilizzata con una proporzione cumulata di pazienti guariti del 90% (e quindi solo il 10% ancora suscettibili) e nessun nuovo contagio.



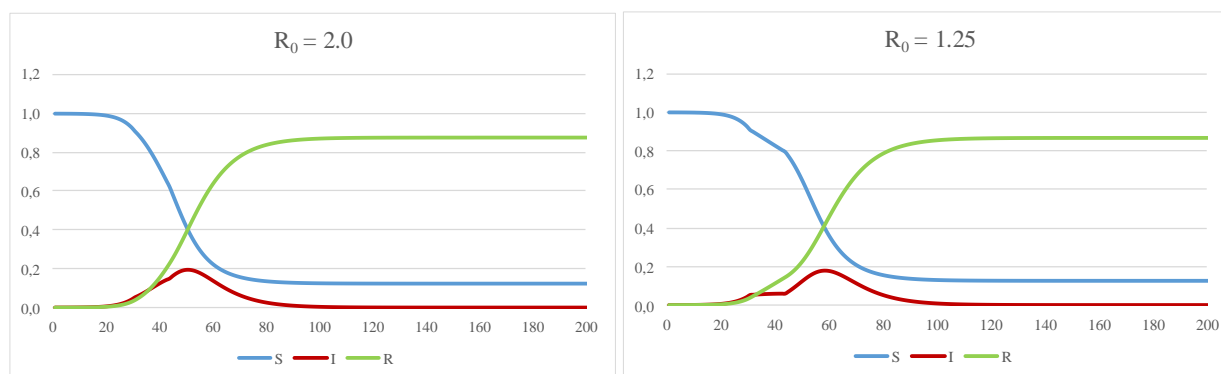
## Simulazione degli effetti delle misure contenitive

Le misure contenitive (e.g., quarantena, chiusura dei luoghi di assembramento), hanno la funzione di abbassare  $R_0$ . Il problema che si pone è il seguente: fino a quando queste misure devono essere protratte? Ovviamente, esse non hanno alcuna ragione di continuare quando l'epidemia cessa.

Per rispondere a questa domanda sono stati costruiti alcuni scenari che usano valori di  $R_0$  via via più bassi (2.0 e 1.25), ovvero che ipotizzano misure via via più severe, o efficacia delle misure in atto via via più elevata. Gli scenari inoltre assumono che le misure di contenimento siano adottate 30 giorni dopo il primo contatto del "paziente zero" e che siano protratte per 14 giorni e 30 giorni, per poi essere revocate.

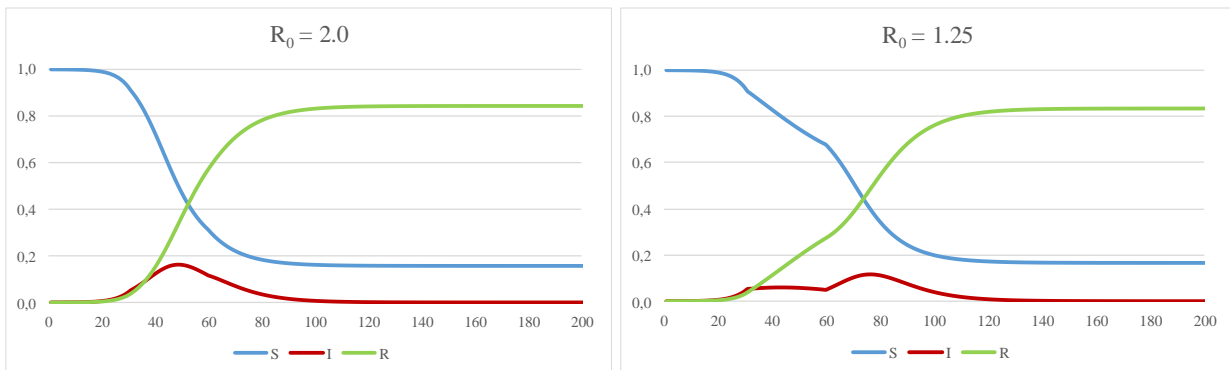
### (a) Misure contenitive adottate per 14 giorni

Le figure seguenti suggeriscono che (i) il picco epidemico si sposterebbe in avanti a 51 e 59 giorni (rispettivamente con il 20%, 18% di contagi) (ii) dopo più 80 giorni dall'inizio dell'epidemia, inoltre, la situazione si stabilizzerebbe con una proporzione cumulata di pazienti guariti dell'88% e 87% (e quindi con il 12%, 13% di individui ancora suscettibili) e nessun nuovo contagio.



### (b) Misure contenitive adottate per 30 giorni

Le figure seguenti suggeriscono che (i) il picco epidemico si sposterebbe in avanti a 49 e 76 giorni (rispettivamente con il 16%, 12% di contagi) (ii) con  $R_0=2.0$  la situazione si stabilizzerebbe dopo più 80 giorni dall'inizio dell'epidemia con una proporzione cumulata di pazienti guariti dell'84% (e quindi con il 16% di individui ancora suscettibili) e nessun nuovo contagio; (ii) con  $R_0=1.25$  la situazione si stabilizzerebbe dopo più 100 giorni dall'inizio dell'epidemia con una proporzione cumulata di pazienti guariti dell'83% (e quindi 17% di individui ancora suscettibili) e nessun nuovo contagio.



## Alcune considerazioni conclusive

L'esercizio proposto suggerisce che

- 1) il modello senza contenimento evidenzia che il picco di infezioni avviene intorno a 50 giorni, con un azzeramento degli infetti (fine emergenza) in circa 80 giorni: una scala di tempi che è bene considerare nelle politiche che si vogliono attuare;
- 2) l'introduzione di regimi di quarantena in luoghi chiave, e l'adozione di misure per frenare la mobilità, riducono gli effetti dell'emergenza sanitaria: il modello, infatti, mostra che se non si isolassero i casi infetti e anche tutti i loro contatti asintomatici, riducendo le misure di prevenzione alla sola riduzione dei contatti sociali e lavorativi, il risultato potrebbe essere quello di un modesto decremento degli infetti, ma soprattutto un allungamento notevole dell'azzeramento degli infetti (da 80 a 100 giorni= fine della emergenza);

In conclusione, ci si aspettano tempi dell'ordine di due o tre mesi dal primo paziente per estinguere il virus nelle enclave isolate e che la vera strategia utile sia di tenere alta l'attenzione per individuare il più precocemente possibile i casi infetti e isolare loro con tutti i relativi contatti.

Bisogna tuttavia tener conto che il modello utilizzato è basato su assunti poco plausibili. L'assenza di mobilità, ad esempio, è adottata in ben specifiche aree a rischio, ma non può riguardare un'intera regione. Il modello inoltre assume che nessun individuo muoia, il che non è invariabilmente vero, visto la letalità stimata intorno al 3%. Modelli previsionali più complessi e plausibili possono essere utilizzati. Tali modelli, oltre ad essere più robusti e adattabili a situazioni più complesse, consentirebbero di rispondere alla domanda: come attuare tali misure minimizzando sia l'impatto sulla salute che le perdite al funzionamento sociale e alla sua economia?