

Modelli per le epidemie 2.0

Un'esperienza tanto appassionante, quanto contagiosa!

RESEARCH IN ACTION - RIA

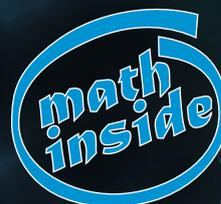
RESEARCHINACTION.IT



Dal 20° secolo iniziarono a diffondersi modelli probabilistici e deterministici per lo studio della diffusione delle epidemie, a partire dal lavoro di Hamer (1906) e Ross (1911) per la prevenzione alla malaria, fino ad arrivare al primo modello differenziale di tipo SIR per l'analisi di malattie infettive come la peste.

Durante questi ultimi anni il mondo ha dovuto affrontare l'epidemia di Covid-19 e per questo il nostro laboratorio propone un'esplorazione dei modelli matematici che studiano lo sviluppo di diversi tipi di malattie grazie a un'applicazione appositamente sviluppata.

18 Modelli per le epidemie 2.0 - 06.23
Revisione 0.1 del 20.06.23



RiA - Research in Action

La parola ría in inglese significa estuario, in particolare (dalla definizione che ne dà l'Oxford Living Dictionaries):

A long, narrow inlet formed by the partial submergence of a river valley ... the rias or estuaries contain very peculiar ecosystems which often contain important amounts of fish ... (a causa della loro natura, le rias o estuari contengono ecosistemi molto particolari che spesso contengono grandi quantità di pesce - www.eurotomic.com/spain/the-rias-altas-in-spain.php)

quindi questo prodotto che sarà realizzato grazie all'attività di alternanza scuola-lavoro di alcuni studenti del liceo scientifico G.B.Grassi di Latina - www.liceograssilatina.org - sarà un luogo virtuale da esplorare dove *pescare* molto materiale per la didattica laboratoriale.

Fare scienza

La scienza non è solo identificabile con la formula, il modello, la teoria. In altre parole la scienza non rappresenta solo un corpo di conoscenze organizzate e formalizzate. La scienza è anche e fondamentalmente ricerca. Una ricerca volta a conoscere e a capire sempre più e sempre meglio come è fatto e come funziona questo nostro complicatissimo mondo.

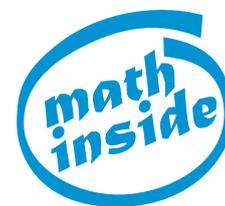
Fare scienza si identifica con l'interrogarsi, con l'indagare ed esplorare fatti e cose. Questo tipo di lavoro i bambini lo fanno spontaneamente sin dalla loro nascita ma si perde nel corso del percorso scolastico. L'intervento educativo deve tener conto di ciò e fornire stimoli, occasioni e strumenti per far acquisire agli studenti capacità sempre più ampie e affinate per poter compiere questo lavoro di indagine mantenendo viva (o risvegliando) la curiosità cognitiva, la voglia di sapere e di scoprire, la fiducia di poter capire.

Pensare in senso creativo, in campo scientifico, significa aggredire i problemi, attivare processi vivi del pensiero, alimentare l'evoluzione dinamica dell'intelligenza duttile, dell'esercizio dell'intuizione e dell'immaginazione, della capacità di progettare e formulare ipotesi, di controllare e verificare quanto prodotto e ricercato.

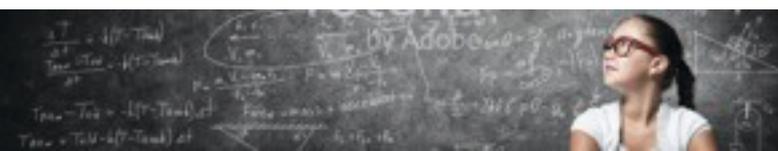
Per questo è necessario bandire forme di apprendimento consumate entro schemi rigidi di elaborazione del pensiero e puntare al recupero della congettura, dell'ipotesi, di una coscienza scientifica aperta a interrogare ogni problematica.

La società odierna deve far fronte ad un rinnovamento scientifico e tecnico accelerato in cui lo sviluppo delle conoscenze scientifiche e la creazione di prodotti di alta tecnologia (*hi-tech*), come anche la loro diffusione subiscono un'accelerazione sempre più rapida.

È necessaria, quindi, una diffusione della conoscenza in genere ed è indispensabile promuovere una nuova cultura scientifica e tecnica basata sull'informazione e sulla conoscenza. E quanto più è solida la base di conoscenze scientifiche scolastiche, tanto più si può approfittare dell'informazione e della conoscenza scientifica e tecnica.



» <https://www.facebook.com/Research-in-Action-341307966417448/>
» <https://www.youtube.com/channel/UC1PA7Zu78RUMBJnkaiOR8kA/>



Sommario dei contenuti

Sommario dei contenuti

1. Introduzione 5

- 1.1. LA STORIA DEI MODELLI EPIDEMIOLOGICI 5
- 1.2. IL NOSTRO SCOPO 6
- 1.3. PREREQUISITI 6
- 1.4. OBIETTIVI 6

2. Modello SI 7

- 2.1. I MODELLI AGENT-BASED? 7
- 2.2. IL MODELLO SUSCETTIBILI - INFETTIVI 7
- 2.3. MODELLO SI SU GEOGEBRA: CHE LIMITAZIONI PRESENTA? 7
- 2.4. UNA SIMULAZIONE ... PERSONALE 8

3. Modello SIS 10

- 3.1. MODELLO SIS SU GEOGEBRA 11

4. Modello SIR 12

- 4.1. MODELLO SIR SU GEOGEBRA 12
- 4.2. I DATI DEL COVID 13
- 4.3. APPROSSIMAZIONE CON UN POLINOMIO 14
- 4.4. IL MODELLO SIR CON BLOCKLY 15
COME USARE L'APPLICAZIONE 15
- 4.5. IL MODELLO SIR SU FOGLIO DI CALCOLO 16
- 4.6. I DATI DEL COVID 2 16
- 4.7. APPROSSIMAZIONE E STIMA DELL'ERRORE 17

5. Un'Applicazione per il Modello SIR 18

- 5.1. PRESENTAZIONE DELL'APPLICAZIONE E DEI SUOI PARAMETRI 18
- 5.2. VALIDAZIONE DATI COVID 18

6. Soluzioni 19

- 6.1. MODELLO SI SU GEOGEBRA: CHE PROBLEMI HA? 19
- 6.2. UNA SIMULAZIONE PERSONALE 19
- 6.3. IL MODELLO SIS 20
MODELLO SIS SU GEOGEBRA 20
- 6.4. IL MODELLO SIR 21
MODELLO SIR SU GEOGEBRA 21
I DATI DEL COVID 22
APPROSSIMAZIONE E STIMA DELL'ERRORE 23



Materiale disponibile per questo laboratorio:

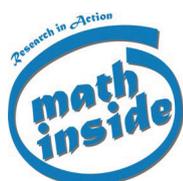
- » il fascicolo (in formato PDF di circa 10MB): <http://researchinaction.it/materials/18-Modelli-per-le-epidemie-20.pdf>;
- » l'applicazione immersa in un foglio di calcolo Google: <https://docs.google.com/spreadsheets/d/1gPDW7LLM11S65OTHFzYM6gLv75nJ34q11OZg5R2lstI/edit?usp=sharing>, il foglio di calcolo non è modificabile, per utilizzarne appieno le funzionalità dovete farne una copia sul vostro *Drive* personale.

Il materiale a supporto del laboratorio è raccolto in un file *zip* (<http://researchinaction.it/materials/18-Modelli-per-le-epidemie-materiale.zip>) che contiene:

- » i dati del COVID nella provincia di Latina (foglio di calcolo Google);
- » il codice XML e Python dell'applicazione;
- » il documento xMaxima con l'approssimazione dei dati della provincia di Latina.

Per il materiale didattico a supporto del fascicolo visitare anche la pagina *Download* del sito dedicato al progetto: <http://researchinaction.it/download/>.

Per i videotutorial è possibile visitare il canale YouTube del progetto: <https://www.youtube.com/channel/UC1PA7Zu78RUMBJnkaiOR8kA>. In particolare, sul canale YouTube, sono presenti brevi videocorsi introduttivi all'uso di xMaxima e di Blockly.



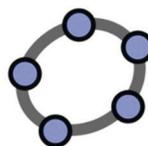
RiA



Toolbox



Blockly



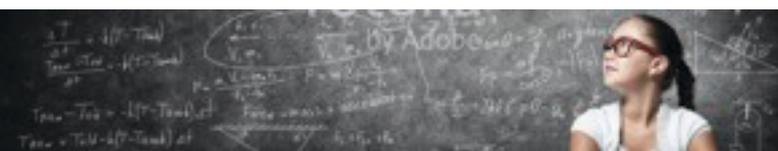
GeoGebra



xMaxima



G.B. GRassi



Modelli per le epidemie 2.0

Un'esperienza tanto appassionante quanto contagiosa

1. Introduzione

Questo laboratorio è stato sviluppato da Alessio De Cesare, Stefano Manauzzi, Lorenzo Pazienza, Francesco Scaldarella, Lavinia Soldera in collaborazione con il professor Eugenio Montefusco (La Sapienza di Roma), il progetto è stato coordinato dal professor Grassucci (Ies G.B. Grassi di Latina).

Un modello, dal latino *modulus*, (diminutivo di *modus*, misura) è una descrizione parziale della realtà, che si sofferma su un particolare fenomeno utilizzando la matematica per permetterne un'accurata analisi. I modelli vengono utilizzati per rendere la porzione di realtà considerata più controllabile e manipolabile. La loro costruzione è una parte essenziale della nostra interazione con il mondo e la base dell'indagine scientifica.

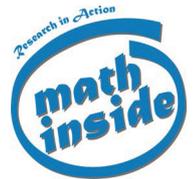
I modelli matematici hanno come componenti costanti, variabili, funzioni, equazioni e simili tutto allo scopo di effettuare previsioni quanto più fedeli possibili sullo stato in cui si presenterà il sistema considerato in un dato momento nel futuro. In particolare, un **modello epidemiologico** è un modello matematico che descrive l'andamento di un'epidemia, considerando alcune delle sue caratteristiche specifiche, come la sua probabilità di trasmissione e la mortalità.

1.1. LA STORIA DEI MODELLI EPIDEMIOLOGICI

Nel corso della storia sono stati ideati e studiati alcuni modelli più o meno efficaci per descrivere l'andamento delle epidemie.

Dal 20° secolo iniziarono a diffondersi i modelli probabilistici e deterministici, a partire dal lavoro di Hamer (1906) e Ross (1911) per la prevenzione della malaria, fino ad arrivare al primo modello differenziale di tipo SIR per l'analisi di malattie infettive, come la peste. Durante questi ultimi anni il mondo ha dovuto affrontare l'epidemia di Covid-19 e per questo il nostro laboratorio propone un percorso di studio di varie tipologie di modelli dalla crescente complessità. Il percorso termina con l'analisi di un modello che può rispecchiare, con i giusti parametri, l'andamento del Covid-19 in un periodo limitato di tempo.

Lo studio dei vari modelli menzionati ha permesso di implementare e ottimizzare i programmi di individuazione, prevenzione, terapia e controllo.



Epidemia

Con il termine **epidemia** si intende la diffusione di una malattia infettiva, che si propaga presso un insieme di individui, localizzati in una specifica area geografica, in un determinato lasso di tempo.

Pandemia

Il termine **pandemia** deriva dal greco *pan* (tutto) e *demos* (popolazione): indica la rapida diffusione di una malattia infettiva in più aree geografiche del mondo, coinvolgendo un elevato numero di persone.



Il Toolbox:

<http://researchinaction.it/wp-content/uploads/2018/11/00-Toolbox.pdf>

fornisce alcuni concetti fondamentali su algoritmi, procedure e coding (cfr. 6. Algoritmi alla topologia a pagina 25).

1.2. IL NOSTRO SCOPO

Lo scopo di questo laboratorio consiste nel favorire la comprensione delle caratteristiche e delle dinamiche di trasmissione delle malattie infettive epidemiologiche.

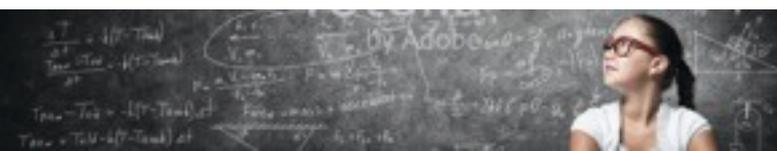
1.3. PREREQUISITI

- » conoscenza elementare delle funzionalità di un foglio di calcolo;
- » conoscenze di Software CAS e grafici (Geogebra 5) per sviluppare e rappresentare i dati.

Possono essere di aiuto (ma non sono essenziali) anche elementari conoscenze dei concetti di algoritmo, procedura e coding.

1.4. OBIETTIVI

- » conoscere i principali modelli per le epidemie (SI, SIS, SIR);
- » comprendere l'importanza delle simulazioni come strumento di conoscenza;
- » confrontare alcuni modelli matematici con la realtà.



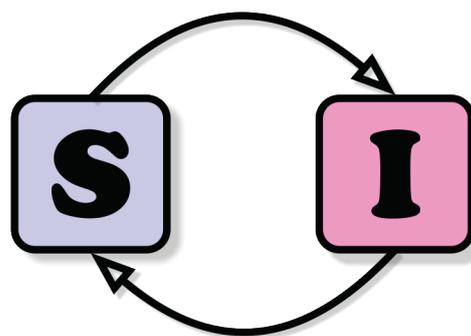
2. Modello SI

2.1. I MODELLI AGENT-BASED?

Un modello **agent-based** è un modello computazionale che simula la realtà semplificandola per comprendere il funzionamento del sistema preso in analisi in modo specifico, *simulando le interazioni tra singoli individui* (agenti), tenendo conto di alcuni parametri relativi al contesto in cui viene utilizzato. Ad esempio, nel nostro caso, aspetti come la probabilità di contagio, la durata della malattia e la mortalità sono alcuni dei parametri che modificano il comportamento del modello e che possono essere tarati per simulare diverse situazioni reali.

2.2. IL MODELLO S USCETTIBILI - INFETTIVI

Il **modello SI** è un modello epidemiologico basato sulla divisione della popolazione in due categorie: i *Suscettibili* (*S*) e gli *Infettivi* (*I*). I Suscettibili sono le persone che non hanno ancora contratto la malattia, mentre gli Infettivi (*I*) sono coloro che hanno contratto il virus e potrebbero diffonderlo: un suscettibile che entra in contatto con gli infettivi può diventare a sua volta infetto e, di conseguenza, costituire un ulteriore veicolo di diffusione della malattia.



Blockly
Google
A Visual Programming Language

All'interno del modello, si indica con λ la probabilità che un suscettibile venga contagiato quando incontra un infettivo (un individuo che è malato e contagioso).

Si indicano con $S(t)$ e $I(t)$, rispettivamente, il numero di suscettibili e di infettivi in funzione del tempo t , solitamente espresso in giorni. Principalmente, in questo laboratorio, concentreremo l'attenzione alla funzione $I(t)$.

2.3. MODELLO SI SU GEOGEBRA: CHE LIMITAZIONI PRESENTA?

Visualizziamo meglio la struttura matematica del Modello SI.

Prova a inserire su un Software CAS (come GeoGebra) la seguente lista di punti, ottenuta tramite una simulazione realizzata con un'applicazione appositamente sviluppata. L'app in questione fornisce risultati che permettono di indagare il comportamento del Modello SI. Se preferisci, puoi ricavare in modo autonomo i dati.

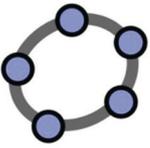
Giorni (t)	0	4	8	12	16	20	24	28	32	36	40	44	48	52	56	60
Infetti (I)	2	4	8	20	32	52	78	82	85	96	99	100	100	100	100	100



Sull'asse delle ascisse è rappresentato il tempo t , espresso in giorni; sull'asse delle ordinate è indicato il numero degli infetti I in un determinato giorno t . Probabilmente sarà necessario selezionare la scala 10:1 per il piano cartesiano, in modo che la funzione sia chiaramente visibile. Se non hai a disposizione un software CAS - di cui torniamo a consigliare l'uso - puoi rappresentare i dati che trovi in questa stessa pagina utilizzando un foglio di calcolo.

A livello matematico, il modello SI può essere espresso rigorosamente mediante la seguente funzione che dipende dal tempo:

$$I(t) = \frac{kN \times e^{\lambda Nt}}{1 + ke^{\lambda Nt}}$$



Qui potete scaricare il documento GeoGebra che permette di studiare l'andamento del modello SI al variare dei parametri: ... GeoGebra si può scaricare qui: <https://www.geogebra.org/>

dove I_0 è il numero di infettivi al tempo $t_0=0$, N la popolazione totale (100) e λ (Lambda) il tasso di contagio (0.002). La stessa funzione si può esprimere come

$$\frac{kN}{1 + ke^{-\lambda Nt}}$$

è sufficiente dividere numeratore e denominatore per $e^{-\lambda Nt}$.

Osserva il grafico, come varia il numero degli infettivi al passare dei giorni? In particolare, che comportamento ha la funzione per un tempo molto grande? Che significato ha per l'epidemia questo comportamento del modello? Concentra l'attenzione su alcuni aspetti particolari e caratteristici: la funzione ha un massimo? Tende a un massimo? Quanto vale questo massimo?

Se hai capito, stai iniziando a interpretare il modello, a fare previsioni! Al contrario, se sei in difficoltà puoi leggere le soluzioni **a pagina 19**.



Per creare dadi personalizzati consigliamo l'utilizzo di una delle tante applicazioni online che permettono di simulare il lancio di dadi, in particolare rolladie.net: <https://rolladie.net/> permette di creare dadi personalizzati, con il numero di facce desiderato.

2.4. UNA SIMULAZIONE ... PERSONALE

Per sperimentare in prima persona ciò che hai appreso sul Modello SI, ti proponiamo una semplice simulazione da svolgere insieme al tuo gruppo. Il gioco richiede due dadi (anche virtuali, vedi box qui a lato) e un gruppo di persone. Ad ogni individuo viene assegnato un numero identificativo univoco che rimarrà invariato per tutta la simulazione. Il primo dado (A) deve avere un numero di facce equivalente al numero dei giocatori mentre l'altro dado (B) sarà da 100 facce.

Tutti i giocatori iniziano la simulazione come suscettibili, tranne un numero ristretto di individui che costituiranno gli infettivi iniziali, scelti casualmente tra i giocatori secondo la quantità indicata nella seguente tabella.

Numero di Partecipanti	Infettivi Iniziali	Lambda (λ)
< 10	1	40%
10-20	2	50%
> 20	2	60%

Terminata la preparazione, ora si può iniziare con il gioco vero e proprio.

Ogni infettivo tira il dado A per selezionare l'individuo con cui interagirà nella giornata (il turno di gioco) in corso. Se il secondo individuo è un altro infettivo, il suo turno è terminato.

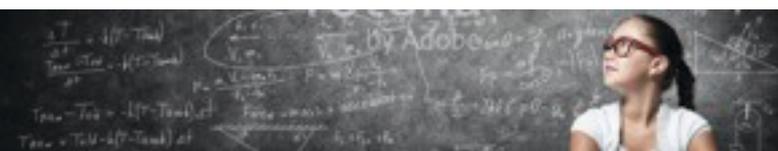


Ad esempio Carlo, che era stato scelto come unico infettivo iniziale in un gruppo di 9 persone, tira il dado A che fornisce come risultato 8. Questo significa che oggi interagirà con Francesco, numero 8, con possibilità di contagiarlo.

Ogni infettivo, se è venuto a contatto con un suscettibile, tira il dado B . Per sapere se il contagio è avvenuto o meno, si verifica se il risultato del lancio è maggiore rispetto al valore di Lambda (λ), selezionato in base al numero di partecipanti.

Carlo, tirando il dado B , ottiene come risultato 23. Consultando la tabella, si riscontra che il valore ottenuto è inferiore alla probabilità di contagio per 9 persone (40%). Pertanto, Francesco è scampato al contagio e resta nel gruppo dei suscettibili (S). Quando ogni infettivo ha giocato, la giornata è terminata. Riporta il numero della giornata (1, 2, ...) e il numero di infettivi corrispondente.

Ripeti la simulazione per un numero sufficiente di giornate, ricorda di tenere traccia del numero



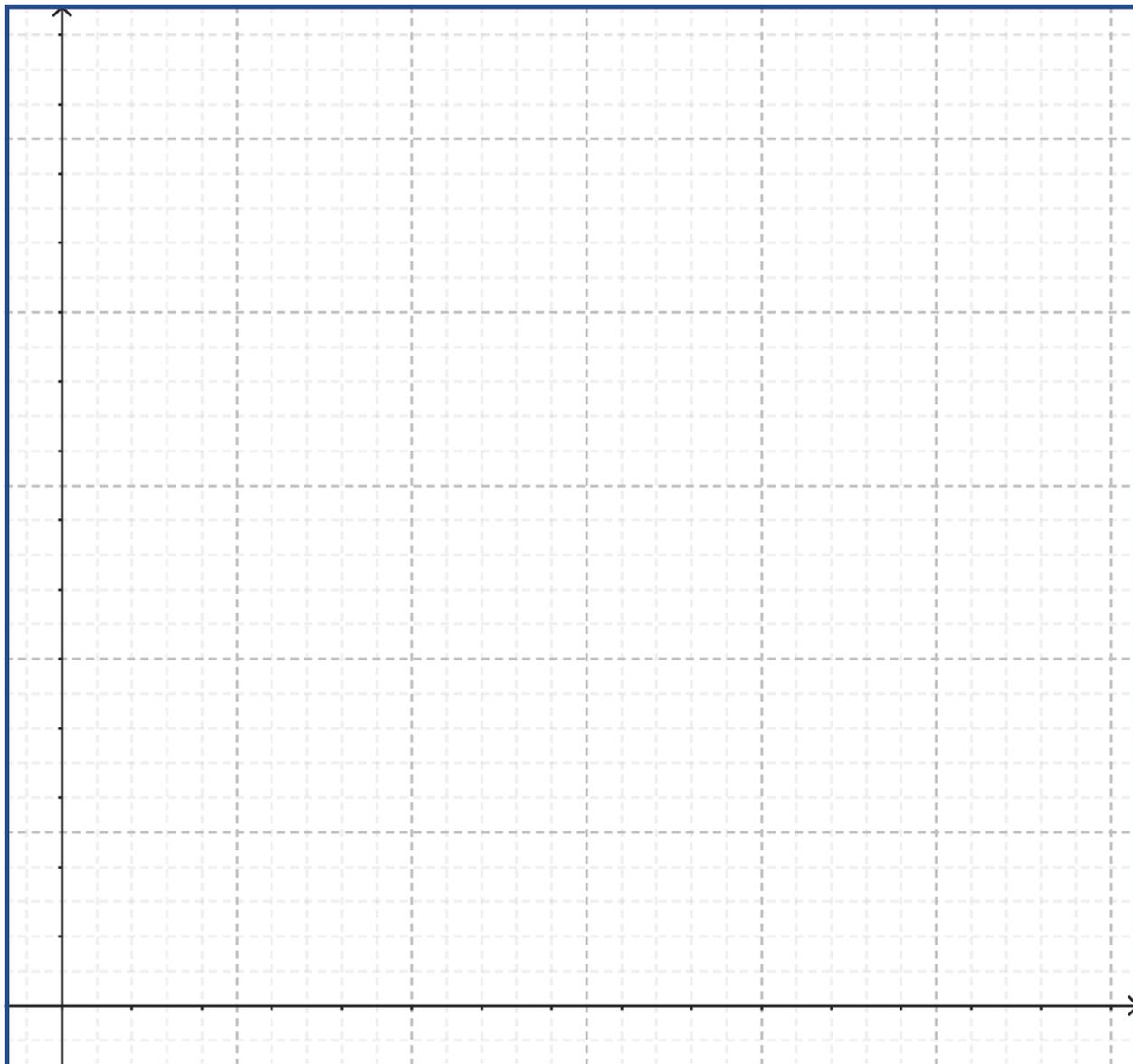
di infettivi al termine di ogni giornata. Per avere risultati significativi, interessanti, giocate almeno 10 giornate.

Rappresenta su un piano cartesiano il numero di infettivi in funzione della giornata. A fronte di quanto spiegato nell'introduzione al Modello SI, ritieni che il gioco descriva in modo abbastanza accurato i risultati di questa simulazione?

Per la rappresentazione puoi usare il piano cartesiano che trovi in questa stessa pagina.

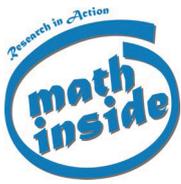
Cosa succederebbe se avessi continuato la simulazione per più giornate (per tante, tante, giornate)? Che tipo di epidemia descrive il modello SI? Ha un difetto, qualcosa che impedisce al modello di raccontare con precisione l'andamento delle malattie (influenza, COVID, ..) che conosci?

Se sei riuscito a rispondere ti sarai reso conto che c'è bisogno di un modello migliore per descrivere la realtà che abbiamo vissuto in questi ultimi anni.



3. Modello SIS

Il modello SIS è un'evoluzione del modello SI, che tiene in considerazione anche la possibilità che un infetto possa guarire. Questa evoluzione della malattia è descritta dal parametro *gamma* (γ) che misura la possibilità di guarigione di un infettivo. In questo modello non vengono considerati i decessi, in quanto il numero delle persone che non sopravvivono alla malattia è talmente piccolo da risultare irrilevante, come nel caso di un'influenza stagionale. Coloro che guariscono tornano ad essere suscettibili, quindi la malattia non genera immunità.



Un'Equazione differenziale è un'equazione la cui incognita è una funzione e nell'equazione stessa compaiono la funzione e le sue derivate. Un esempio è $3y + 7y' = 5$, dove $y = f(x)$ è la funzione incognita e $y' = f'(x)$ la sua derivata prima.

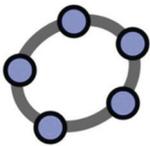
Ogni giorno, il numero di infetti aumenta di

$$\lambda \cdot I(t) \cdot \frac{S}{N}$$

dove $I(t)$ è il numero attuale di infettivi e S/N la frazione della popolazione che non ha ancora contratto la malattia. Ma questo numero diminuisce anche di $\gamma \cdot I(t)$ a causa delle guarigioni.

Nel complesso, la variazione degli infettivi è

$$I'(t) = \lambda \cdot I(t) \cdot \frac{S}{N} - \gamma \cdot I(t)$$

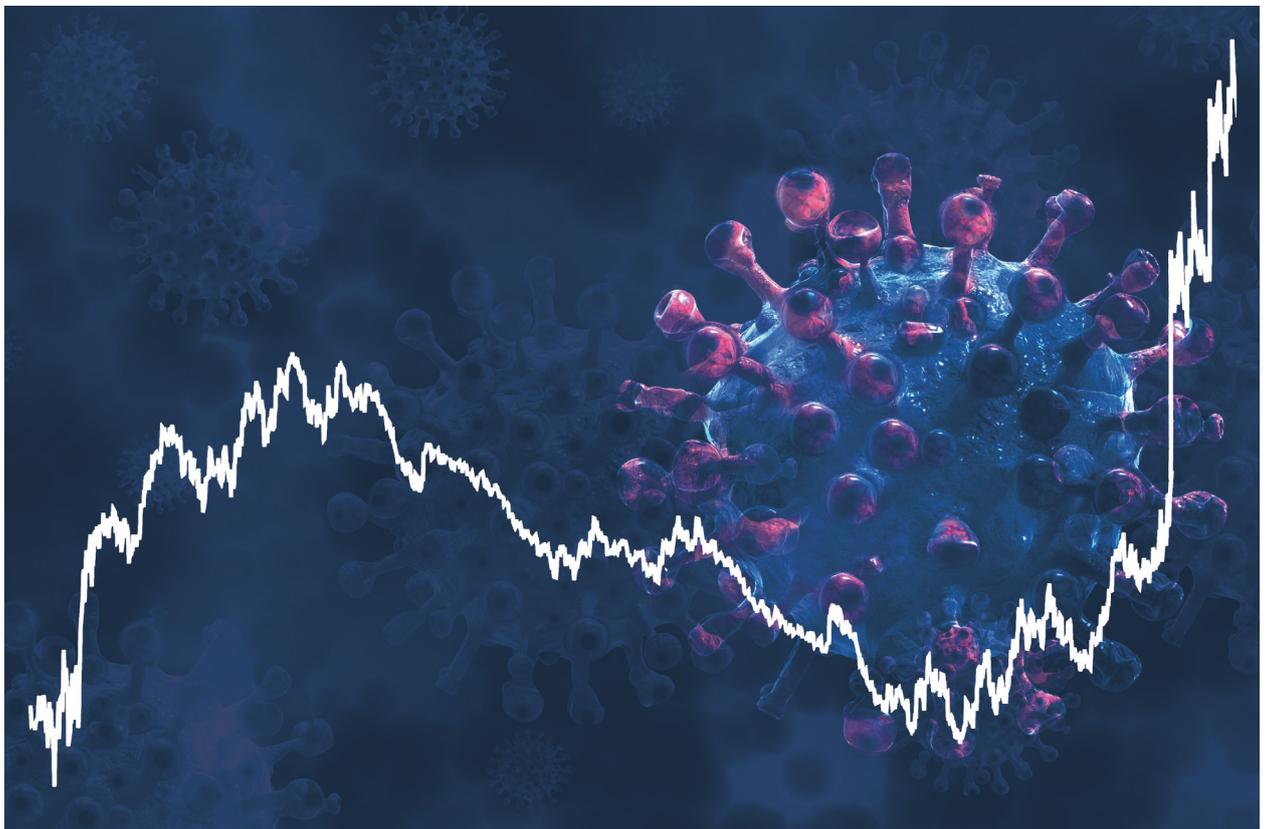


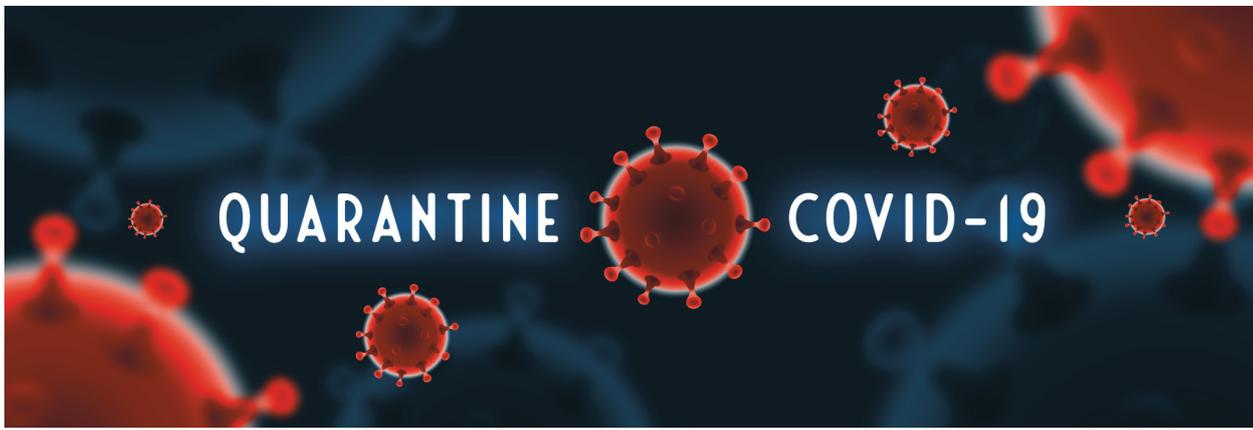
che può essere anche scritta anche come

$$I'(t) = \lambda \cdot I(t) \cdot \left(1 - \frac{I}{N}\right) - \gamma \cdot I(t)$$

Tra il materiale a supporto del laboratorio trovate il documento GeoGebra che permette di studiare l'andamento del modello SIS al variare dei parametri: <http://researchinaction.it/materials/18-Modelli-per-le-epidemie-materiale.zip>. GeoGebra si può scaricare qui: <https://www.geogebra.org/>

La formula che identifica l'andamento teorico del modello, ottenuta come soluzione della precedente equazione differenziale (la cui risoluzione va oltre lo scopo del nostro fascicolo) è la seguente:





$$I(t) = \frac{kN(\lambda - \gamma) \cdot e^{(\lambda - \gamma)t}}{1 + k\lambda e^{(\lambda - \gamma)t}}$$

dove $k = I_0 / (N - I_0)$ che si può scrivere anche come

$$I(t) = \frac{kN(\lambda - \gamma)}{1 + kNe^{-(\lambda - \gamma)t}}$$

Come si può notare, l'unico nuovo parametro inserito nel sistema è Gamma (γ), vale a dire il tasso di guarigione.

3.1. MODELLO SIS SU GEOGEBRA

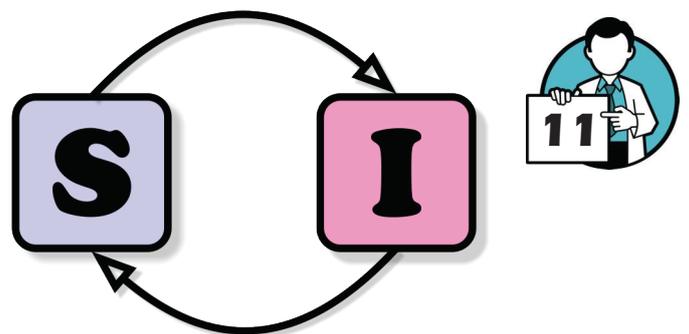
Prova a inserire la formula precedentemente introdotta che identifica il modello SIS in un software CAS (come GeoGebra) su un grafico in cui l'asse delle ascisse rappresenta il tempo t e quello delle ordinate gli infetti I . Per un corretto funzionamento, bisogna inserire prima la definizione di k mostrata precedentemente, $k = I_0 / (N - I_0)$. Si creeranno automaticamente quattro *slider*: Numero totale della popolazione (N), Infetti Iniziali (I_0), Lambda (λ) e Gamma (γ).

Gioca con i parametri del modello modificando il valore degli slider. Cosa noti al variare di ogni singolo parametro? In particolare, cosa succede se Gamma, che rappresenta la probabilità di guarigione di un infettivo, è maggiore di lambda, che invece misura la probabilità di contagio?

Osserva il grafico come hai già fatto per il modello SI.

Come varia il numero degli infetti al passare dei giorni? In particolare, che comportamento assume la funzione per un tempo molto grande? Che significato ha per l'epidemia questo comportamento della funzione (del modello)? Che caratteristiche può avere una patologia descritta dal modello SIS?

Anche se questo modello risolve alcuni difetti del modello precedente, non descrive malattie come il COVID. Abbiamo bisogno di un modello più raffinato!



4. Modello SIR

I modelli SI e SIS non prendono in considerazione la rimozione degli infetti a causa di guarigioni o decessi. Il modello SIR, dal nome delle tre categorie in cui viene suddivisa la popolazione interessata dal fenomeno di diffusione, implementa un nuovo stato, una nuova variabile che misura i **rimossi** (R). Gli infettivi diventano rimossi nel momento in cui guariscono, acquisiscono l'immunità, restano in isolamento, o muoiono. I rimossi non possono tornare nel compartimento dei suscettibili perchè non possono più contrarre la malattia.



Il Toolbox spiega come approssimare la soluzione di un'equazione differenziale senza conoscere i metodi per risolverle e senza la necessità di usare gli integrali (cfr. 7 Equazioni differenziali a pagina 29): <http://researchinaction.it/wp-content/uploads/2019/01/00-Toolbox.pdf>

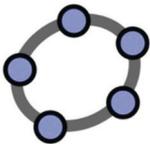
Il parametro Gamma (γ), precedentemente indicato come tasso di guarigione, ora costituisce il **tasso di rimozione**, data la pluralità di fenomeni che portano la rimozione permanente dell'agente, dell'individuo. La durata media della malattia è quindi $1/\gamma$.

Ogni giorno, il numero di suscettibili diminuisce di

$$S'(t) = -\lambda \times I(t) \times \frac{S}{N}$$

in quanto questo è il numero di persone sane che diventano infettivi. Inoltre, una porzione di infettivi è rimossa dai suscettibili perchè deceduta o immune dopo la guarigione. La quantità di individui coinvolti in questo processo è $R'(t) = \gamma \cdot I(t)$. Pertanto, la variazione complessiva degli infetti, ottenuta sommando questi due processi, corrisponde ancora all'equazione differenziale

$$I'(t) = \lambda \times I(t) \times \left(1 - \frac{S}{N}\right) - \gamma \times I(t)$$



4.1. MODELLO SIR SU GEOGEBRA

Purtroppo, a causa della complessa interazione formale delle equazioni differenziali prima riportate, la formula del modello SIR è notevolmente lunga. Qui ci limiteremo all'osservazione di un

Qui potete scaricare il documento GeoGebra che permette di studiare l'andamento del modello SIR al variare dei parametri: ... GeoGebra si può scaricare qui: <https://www.geogebra.org/>

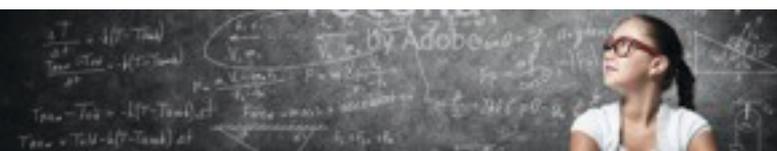
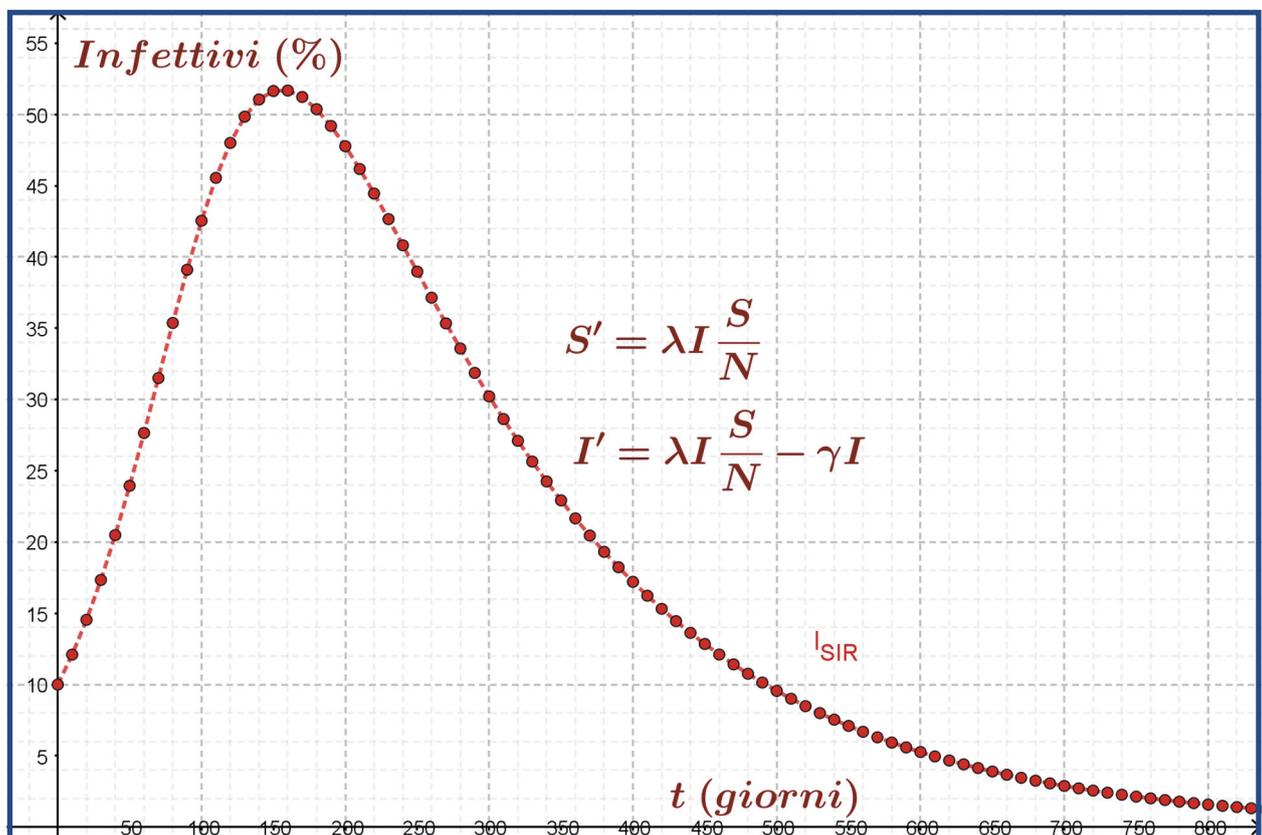


grafico specifico che costituisce un esempio del Modello SIR con il 10% infettivi iniziali su una popolazione, quindi, pari al 100% con $\lambda = 0.03$ e $\gamma = 0.006$.

L'andamento dell'epidemia è mostrato nella pagina precedente dove, per comodità di lettura, la popolazione (i valori sull'asse delle ordinate) è data in percentuale sul totale.

Quali differenze noti rispetto al modello SI? Cosa succede al passare del tempo (molto tempo)?

Osservando questo grafico dovrebbe essere ora chiaro cosa intendevano, negli anni 2020-22, epidemiologi ed esperti parlando di *picco* dell'epidemia.

4.2. I DATI DEL COVID

Abbiamo studiato il modello SIR utilizzando, per rappresentarlo su un grafico, dati totalmente teorici. Ora proviamo a riportare questo modello alla realtà, mettendolo a confronto con dati specifici, raccolti in un determinato periodo di tempo sul territorio di Latina.

Questa tabella (Dati Provincia Latina) mostra il numero di positivi rilevati ogni giorno nella Provincia di Latina nell'arco di circa 10 mesi (24/02/2020 - 6/12/2020).

Giorni	Infettivi	Infettivi %
0	0	0.00
10	0	0.00
20	23	0.00
30	198	0.03
40	318	0.05
50	410	0.07
60	454	0.07
70	505	0.08
80	511	0.08
90	531	0.09
100	542	0.09
110	549	0.09
120	553	0.10
130	609	0.11
140	628	0.11
150	638	0.11
160	660	0.11
170	679	0.12
180	756	0.13
190	843	0.15
200	952	0.17
210	1099	0.19
220	1291	0.22
230	1660	0.29
240	2262	0.39
250	3761	0.65
260	5437	0.95
270	7226	1.26
280	9484	1.65



Il Toolbox suggerisce alcuni metodi per approssimare serie di dati sperimentali con un polinomio (cfr. 4. Approssimazione mediante polinomi a pagina 13):
<http://researchinaction.it/wp-content/uploads/2019/01/00-Toolbox.pdf>



Riporta i dati raccolti su un grafico Geogebra, otterrai così l'andamento del numero di infetti in funzione del tempo trascorso. Cosa riesci a dedurre da questo grafico? Dov'è

il picco? Assomiglia alla curva del modello SIR già presente sul grafico?

Se i dati non corrispondono alla curva generata dal modello sperimentale, prova a modificare tramite gli *slider* i valori dei parametri che determinano le caratteristiche della curva.

Riesci a rendere la curva simile alla spezzata che rappresenta i dati reali? Quale significato assumono i valori dei parametri per i quali le due curve sono sovrapposte?

4.3. APPROSSIMAZIONE CON UN POLINOMIO

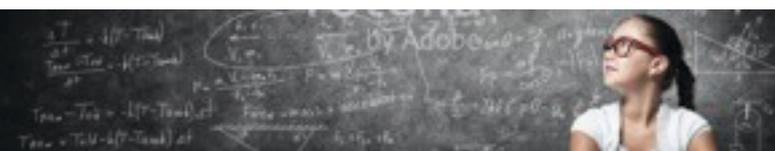
Spesso è possibile approssimare una serie di dati attraverso un polinomio di grado n . Il nostro obiettivo è quello di approssimare i dati (simulati) del modello SIR in modo da avere un'espressione della funzione - approssimata - che risolve le equazioni differenziali del modello.

Cerca di approssimare i dati sul grafico del Modello SIR con un polinomio di grado non troppo alto. Tieni presente che un polinomio di grado n ha $n+1$ parametri quindi potrai imporre il passaggio per $n+1$ punti.

La cosa importante è scegliere bene quali punti utilizzare per adattare il polinomio alla spezzata che vedi nel grafico, controllando la qualità del lavoro fatto non solamente dal punto di vista grafico ma anche applicato al fenomeno in analisi. Per avere un valutazione rapida - anche se imprecisa - della correttezza del tuo lavoro traccia il grafico della funzione approssimante su GeoGebra, nello stesso piano cartesiano dove sono presenti i dati: l'andamento della funzione dovrebbe, più o meno, *ricalcare* quello dei dati.

Stima quindi l'errore del polinomio rispetto alla funzione originale.

Adesso abbiamo un'idea del tipo di funzione, almeno per i valori dei parametri scelti, che può descrivere, con un certo errore, l'andamento dell'epidemia.



4.4. IL MODELLO SIR CON BLOCKLY

L'utilizzo manuale del modello al fine di fare previsioni sulla realtà può richiedere molto tempo, considerando che si dovrà tenere conto dello stato sanitario di ogni individuo che costituisce la popolazione presa in esame per tutto il tempo necessario. Risulta, invece, molto più conveniente sfruttare un software che svolga il lavoro per noi, in modo da concentrarci solo sull'analisi del risultato e sulla formulazione di utili conclusioni.

L'applicazione che presentiamo è basata su un modello *agent-based*: simula le interazioni tra un gran numero di individui (gli *agenti*) più volte al giorno per un determinato periodo di tempo controllando se un individuo che ha contratto la malattia contagia i suscettibili che incontra nella sua giornata virtuale. La possibilità di incontrarsi, come nella realtà, è tanto più bassa quanto maggiore è la distanza sociale tra i due individui. Tutti gli agenti, infatti, sono immaginati in una certa posizione di un'area (solo rettangolare in questa versione) che è rappresentata da una matrice di valori interi che indicano lo stato di quel particolare individuo: *Suscettibile* (0), *Infettivo* (1 o più, dove il numero indica i giorni di malattia), *Deceduto* (-1) o *Guarito* (-2). Sia i deceduti che i guariti rientrano nella categoria *Rimossi* (*R*) del modello SIR, ma vengono registrati separatamente per una conoscenza più completa del fenomeno e per eventuali sviluppi futuri del progetto che includano vaccini, un'immunità solamente temporanea in caso di guarigione o altre funzionalità aggiuntive.

La simulazione usa un certo numero di parametri per simulare situazioni diverse:

- » *Lambda* (λ): tasso di contagio per ogni infettivo nell'unità di tempo
- » *Sigma* (σ): fattore moltiplicativo del tasso di contagio, per tener conto della diminuzione del tasso dovuta alla distanza (questo parametro lavora di concerto al parametro *Distanziamento* descritto nel seguito)
- » *Gamma* (γ): tasso di guarigione ($1/\gamma$ è la durata media della malattia)
- » *Tau* (τ): tasso di mortalità per ogni infettivo nell'unità di tempo
- » *Righe, Colonne*: coordinate e dimensioni della matrice (numero di righe e di colonne)
- » *Interazioni*: il numero di individui incontrati da uno specifico individuo nell'unità di tempo
- » *Durata*: numero di unità di tempo della simulazione

L'applicazione è in grado, se richiesto, di memorizzare e fornire le liste di valori che tengono conto, giorno per giorno, dei numeri di infettivi, suscettibili e rimossi.

COME USARE L'APPLICAZIONE

L'*App*, realizzata in Blockly, dopo aver inizializzato (*Inizializzazione*) le variabili necessarie sulla base dei parametri selezionati dall'utente, crea una matrice i cui elementi costituiranno, nel loro insieme, la popolazione da studiare. La simulazione si avvia lanciando la procedura *Simulazione* che ripete per il numero di giornate desiderato, le funzioni *PropagaContagio*, *FineGiornata* e *Risultati*:

- » *PropagaContagio* controlla se ogni individuo è contagiato da un suscettibile, sulla base del tasso di contagio *lambda* e del distanziamento sociale.
- » *FineGiornata* aggiorna lo stato degli individui infetti, che aumentano il proprio valore di 1, per registrare un ulteriore giorno di malattia. Verifica quindi, in base ai parametri *tau* e *gamma*, se ciascun infetto è morto (-1) o guarito (-2).
- » *Risultati*, infine, aggiorna gli storici degli infetti, dei suscettibili e dei rimossi per una successiva consultazione.

Le altre funzioni presenti sono strumenti utili per trattare una matrice in modo efficiente, riducendo il numero di blocchi necessari a creare la matrice, inserirvi il desiderato numero di infettivi



Il Toolbox suggerisce alcuni metodi per approssimare serie di dati sperimentali con un polinomio (cfr. 4. Approssimazione mediante polinomi a pagina 13):
<http://researchinaction.it/wp-content/uploads/2019/01/00-Toolbox.pdf>

scelti casualmente, ottenere informazioni relative alla stessa e leggere lo stato di un individuo o aggiornarlo.

Il feedback fornito dal programma consiste in una lista delle ordinate di un grafico che presenta i giorni (0, 1, 2, 3, ...) sull'asse delle ascisse e gli *Infettivi* corrispondenti ($I_0, I_1, I_2, I_3, \dots$) sull'asse delle ordinate.

Come probabilmente sapete, Blockly è un ottimo generatore di codice, ma presenta diversi limiti di esecuzione. Per svolgere delle simulazioni con grandi popolazioni o estese per molte giornate, è fortemente consigliato utilizzare in un interprete Python il codice generato da Blockly. A questo punto, le uniche limitazioni saranno legate al dispositivo utilizzato e alla pazienza personale.

In modo analogo a quanto fatto precedentemente con gli *slider* di Geogebra, modifica i vari parametri dell'app e lancia ogni volta una simulazione rappresentando poi i dati su un piano cartesiano cercando di ottenere una spezzata che assomigli il più possibile all'andamento reale degli infetti nella provincia di Latina.

4.5. IL MODELLO SIR SU FOGLIO DI CALCOLO

L'app sviluppata con Blockly è stata *immersa* in un foglio di calcolo che permette di simulare situazioni diverse semplicemente modificando alcune celle del foglio e ottenendo i risultati in tempi anche più brevi, a volte, della corrispondente applicazione Python.

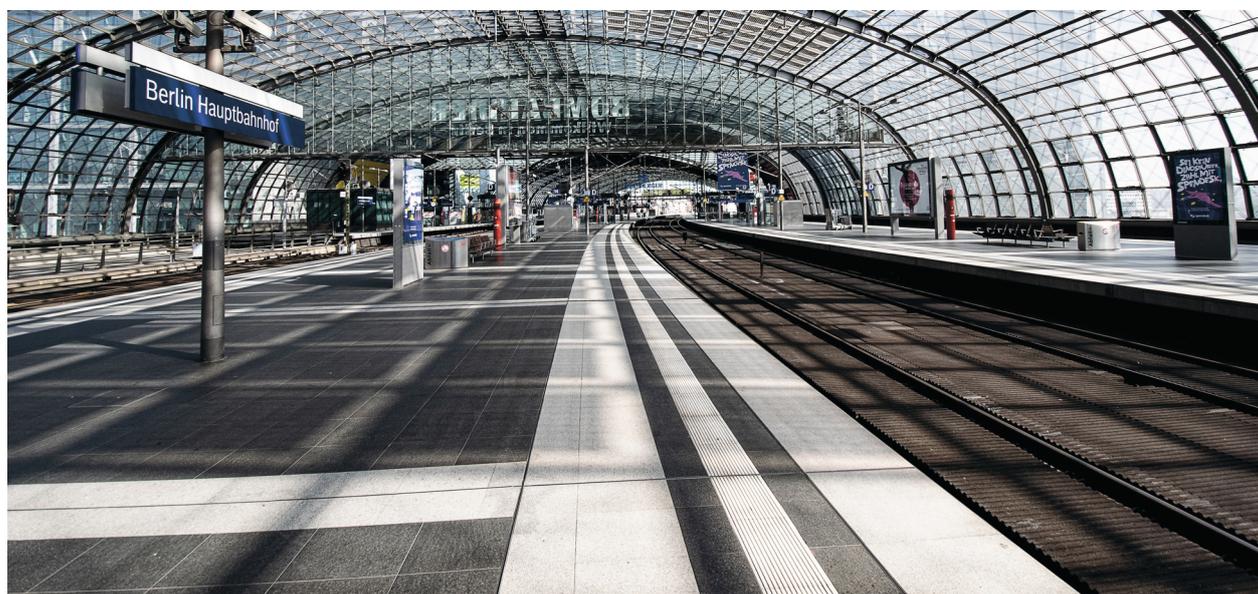
Basterà modificare i valori dei parametri in alto per ottenere, dopo una breve attesa, i risultati delle simulazioni con i modelli SI, SIS e SIR. Il codice non è eseguito in locale, sfruttando le risorse del proprio pc, ma direttamente sui server Google. Per simulazioni particolarmente impegnative si potrebbe ottenere un errore a causa del superamento del limite di tempo concesso per applicazioni di terze parti.

4.6. I DATI DEL COVID 2

Abbiamo studiato il modello SIR utilizzando, per rappresentarlo su un grafico, attraverso i dati delle simulazioni. Ora proviamo a rapportare questo modello alla realtà, mettendolo a confronto con dati specifici, raccolti in un determinato lasso di tempo sul territorio di Latina. I dati sono nella tabella che trovi a **pagina 13** di questo fascicolo.



Il Toolbox suggerisce alcuni metodi per stimare l'errore di approssimazione (cfr. 1. Il calcolo dell'errore a pagina 13): <http://researchinaction.it/wp-content/uploads/2019/01/00-Toolbox.pdf>



Riporta sul grafico Geogebra del SIR i dati, otterrai così l'andamento del numero di infetti in funzione del tempo trascorso. Cosa riesci a dedurre da questo grafico? Dov'è il picco? Assomiglia alla curva del modello SIR già presente sul grafico?

Se i dati non corrispondono alla curva generata dal modello sperimentale, prova a modificare tramite gli sliders i valori dei parametri che determinano le caratteristiche della curva.

Riesci a rendere la curva del modello SIR simile alla spezzata aperta che rappresenta i dati reali di Latina? Quale significato assumono i valori dei parametri per i quali le due curve sono sovrapposte?

4.7. APPROSSIMAZIONE E STIMA DELL'ERRORE

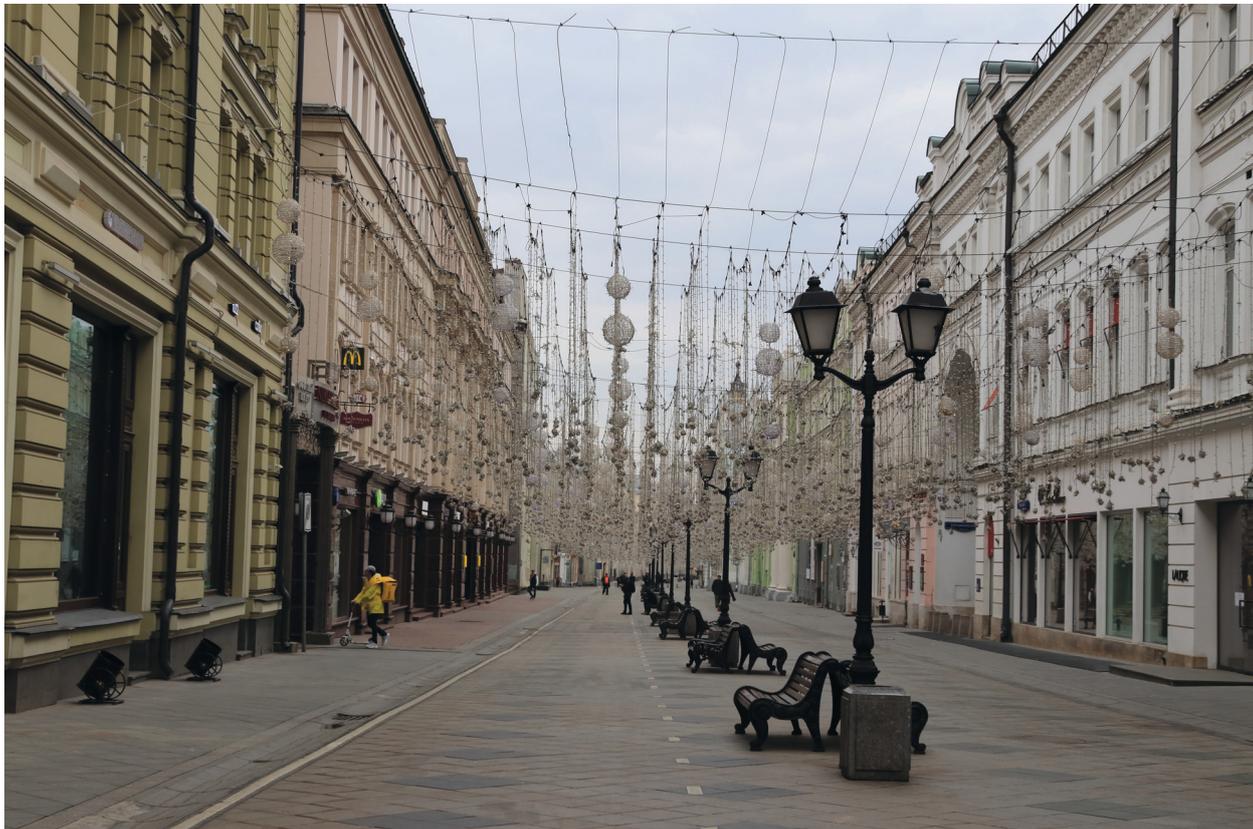
Spesso è possibile approssimare una serie di dati attraverso un polinomio.

Cerca di approssimare i dati sul grafico del Modello SIR con un polinomio di grado non troppo alto. Tieni presente che un polinomio di grado n ha $n+1$ parametri quindi potrai imporre il passaggio per $n+1$ punti.

La cosa importante è scegliere bene quali punti utilizzare per adattare il polinomio alla spezzata che vedi nel grafico, controllando la qualità del lavoro fatto non solamente dal punto di vista grafico che hai realizzato in precedenza ma anche applicato al fenomeno in analisi.

Stima quindi l'errore del polinomio rispetto alla funzione originale.

Tieni conto che un errore nell'ordine di 10^{-1} è un buon risultato!



L'applicazione è stata sviluppata con il generatore di codice Blockly, il codice XML per ricostruire l'applicazione è compreso nel materiale a supporto di questo laboratorio insieme al codice Python della stessa applicazione:

Un ambiente per utilizzare Blockly è disponibile sul sito del progetto: <http://researchinaction.it/myblockly/blocklyrun.html>

Blockly è un generatore di codice open source sostenuto da Google: <https://developers.google.com/blockly/>

Per facilitare l'utilizzo dell'app il codice generato da Blockly è stato immerso in un foglio di calcolo Google che si può trovare qui:

<https://docs.google.com/spreadsheets/d/1gPDW7LLM11S650THFzYM6gLv75nJ34q10Zg5R2l5t/edit?usp=sharing>

Il foglio di calcolo non è modificabile, per usarlo appieno fatene una copia, il codice sarà presente anche nella copia.



Il foglio di calcolo non è modificabile, per usarlo appieno fatene una copia, il codice sarà presente anche nella copia.

Il foglio di calcolo non è modificabile, per usarlo appieno fatene una copia, il codice sarà presente anche nella copia.

Il foglio di calcolo non è modificabile, per usarlo appieno fatene una copia, il codice sarà presente anche nella copia.



5. Un'Applicazione per il Modello SIR

5.1. PRESENTAZIONE DELL'APPLICAZIONE E DEI SUOI PARAMETRI

L'utilizzo manuale del modello al fine di fare previsioni sulla realtà può richiedere molto tempo, considerando che si dovrà tenere conto dello stato sanitario di ogni individuo che costituisce la popolazione presa in esame per tutto il tempo necessario. Risulta, invece, molto più conveniente sfruttare un software che svolga il lavoro per noi, in modo da concentrarci solo sull'analisi del risultato e sulla formulazione di utili conclusioni: questo software lo abbiamo realizzato in proprio e migliorato nel corso degli anni, si tratta di SIRECHovid, un'app per lo studio delle epidemie.

I box a lato indicano come ottenere l'applicazione (il codice XML originale da utilizzare in Blockly, il codice Python generato o, più *user friendly*, un foglio di calcolo Google con l'app disponibile come funzioni del foglio stesso). Gli ultimi passi di questo laboratorio sono possibili con una qualsiasi delle forme descritte in precedenza.

5.2. VALIDAZIONE DATI COVID

In modo analogo a quanto fatto precedentemente con gli *slider* di Geogebra, modifica i vari parametri dell'app per creare una curva che assomigli il più possibile all'andamento reale degli infetti nella provincia di Latina

I dati della provincia di Latina sono tra il materiale a supporto di questo laboratorio (cfr. 4.6 I Dati del Covid a pagina 16 e la tabella a pagina 13).

Come già detto, Blockly presenta diversi limiti di esecuzione, pertanto i dati reali sono stati appositamente ridotti in scala 1:10.



Soluzioni

Modelli per le epidemie 2.0
Un'esperienza tanto appassionante quanto contagiosa

6. Soluzioni

6.1. MODELLO SI SU GEOGEBRA: CHE PROBLEMI HA?

A livello matematico, il modello SI può essere espresso rigorosamente mediante la seguente funzione che dipende dal tempo:

$$I(t) = \frac{kN \cdot e^{\lambda t}}{1 + k e^{\lambda t}}$$

dove I_0 è il numero di infettivi al tempo $t_0=0$, N la popolazione totale e λ (Lambda) il tasso di contagio mentre

$$k = \frac{I_0}{N - I_0}$$

In questa stessa pagina è mostrata la rappresentazione grafica del modello SI in cui gli infettivi sono rappresentati in percentuale sulla popolazione.

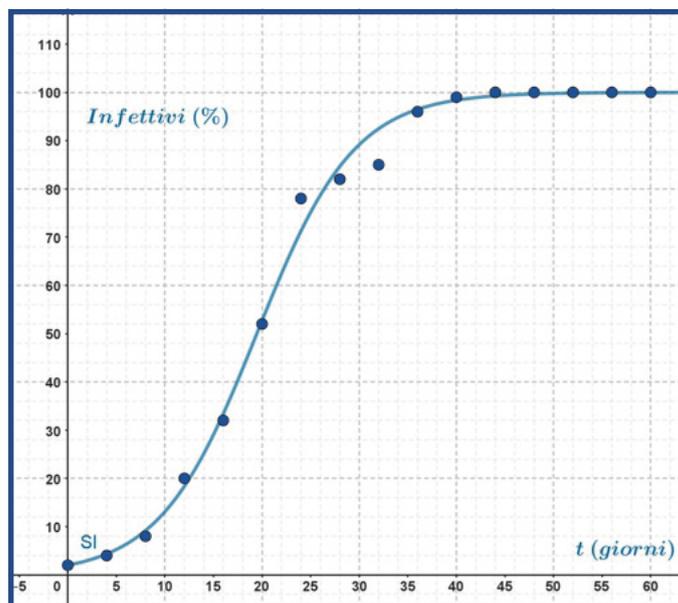
Osserva il grafico, come varia il numero degli infettivi al passare dei giorni? In particolare, che comportamento ha la funzione per un tempo molto grande? Che significato ha per l'epidemia questo comportamento del modello?

Al passare dei giorni il numero gli infettivi aumenta sensibilmente per poi rallentare, ma senza arrestarsi o decrescere.

La funzione ha un massimo? Tende a un massimo? Quanto vale questo massimo?

La funzione non ha un massimo, ma ha un asintoto orizzontale (in questo caso $I = 100$) in corrispondenza della popolazione totale, la percentuale di infettivi iniziali è il 2% e il tasso di contagio è $\lambda = 0.002$.

Uno dei maggiori problemi del Modello SI consiste proprio nel fatto che il numero di contagiati raggiunti nel medio-lungo termine coincide con la totalità della popolazione, senza alcuna possibilità di guarigione o rischio di morte.



6.2. UNA SIMULAZIONE PERSONALE

Rappresenta su un piano cartesiano il numero di infettivi in funzione della giornata. A fronte di quanto spiegato nell'introduzione al Modello SI, ritieni che il gioco descriva in modo abbastanza accurato i risultati di questa simulazione?

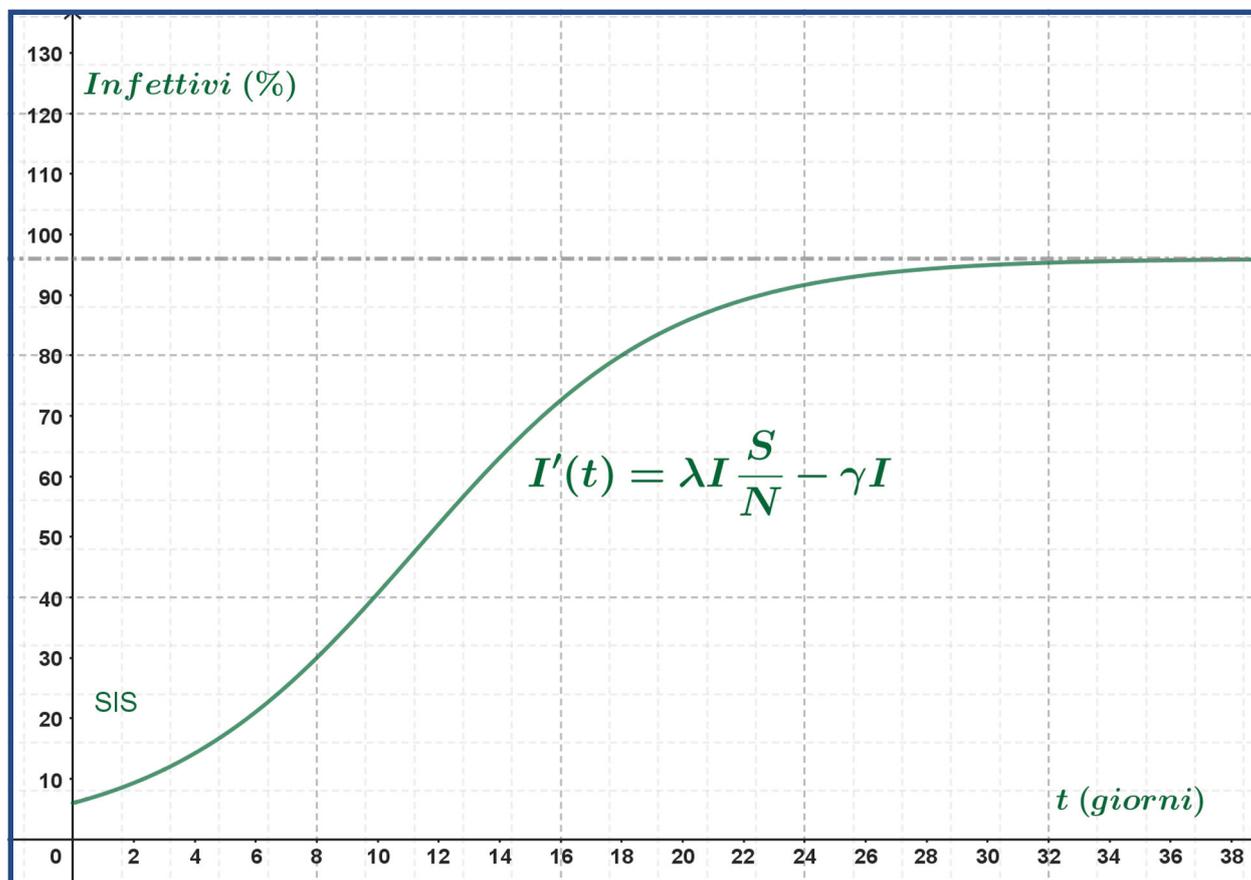
I risultati così ottenuti sono simili a un utilizzo pratico del Modello SI, con due differenze principali. La prima consiste nel numero di interazioni che ogni infetto compie ogni giorno, con possibilità di contagiare altrettante persone, in quanto nella realtà è solitamente superiore a uno, dato che ci sono molti più suscettibili e contatti. Inoltre la scelta dell'individuo con cui l'infettivo interagisce non è casuale ma dipende dalla vicinanza fisica e sociale tra i soggetti.

Cosa succederebbe se avessi continuato la simulazione per più giornate (per tante giornate)? Che tipo di epidemia descrive il modello SI? Ha un difetto, qualcosa che impedisce al modello di raccontare con precisione l'andamento delle malattie (influenza, COVID, ..) che conosci?

Continuando con la simulazione, tutti i suscettibili si sarebbero inevitabilmente trasformati in infetti. Il Modello SI è un buon punto di partenza per lo studio epidemiologico, ma è irrealistico pensare che una malattia colpisca l'intera popolazione senza guariti, decessi o immunità di alcun tipo. Vedremo quindi altri modelli in grado di descrivere un numero sempre maggiore di possibili epidemie.

6.3. IL MODELLO SIS

Gioca con i parametri del modello modificando il valore degli slider. Cosa noti al variare di ogni singolo parametro? In particolare, cosa succede se gamma, che rappresenta la probabilità di guarigione di un infettivo, è maggiore di lambda, che invece misura la



probabilità di contagio?

Osserva il grafico che è riportato in questa stessa pagina in cui gli infettivi sono rappresentati in percentuale sulla popolazione totale, gli infettivi iniziali sono pari al 6% della popolazione e il tasso di contagio è $\lambda = 0.25$ (per completezza è mostrata anche l'equazione differenziale del modello SIS). Dovrebbe essere simile al tuo.

Modificando i valori dei parametri si possono notare alcuni casi molto particolari di epidemie mai cominciate. Infatti, se il valore di γ (gamma) è superiore a λ (lambda) si avranno sin dal primo giorno più guariti che nuovi infetti, estinguendo in breve il loro valore totale.

Il modello SIS descrive adeguatamente alcune patologie che non vengono propriamente debellate ma permangono nel tempo nella comunità che infettano, e che quindi possono essere esclusivamente arginate. Un esempio per tutti è l'influenza stagionale.

Quale problema potrebbe avere questo modello nell'analisi di altre patologie, come il Covid?

Il Modello SIS non tiene conto della categoria dei *rimossi*, ovvero di quelle persone che, dopo aver contratto la malattia ed essere guariti, non possono più essere contagiati. Tuttavia, anche se questo modello risolve alcuni difetti del modello precedente, non descrive altre malattie come il COVID. Abbiamo bisogno di un modello più raffinato!

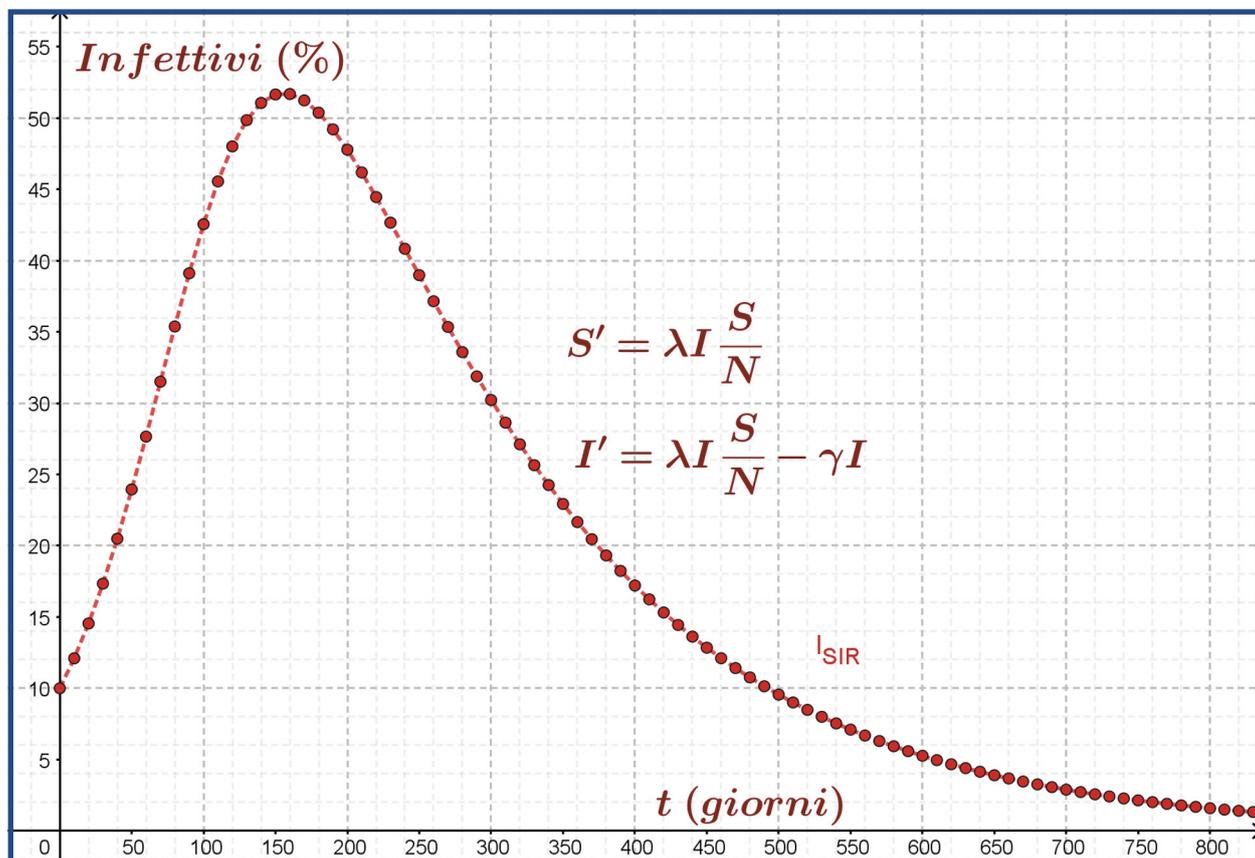


L'approssimazione sviluppata con xMaxima è disponibile tra il materiale a supporto di questo laboratorio:
<http://researchinaction.it/wp-content/uploads/2019/06/09-Onde-gravitazionali-2.zip>
zip
xMaxima si può scaricare qui:
maxima.sourceforge.net/

6.4. IL MODELLO SIR

Il grafico riportato qui di seguito costituisce un esempio del modello SIR con una percentuale di infettivi iniziali del 10%, con il tasso di contagio $\lambda = 0.03$ e $\gamma = 0.006$.

Gioca con gli sliders su GeoGebra. Quali differenze noti rispetto ai modelli SI e SIS? Cosa succede al passare del tempo (molto tempo)?



A differenza dei modelli SI e SIS, in questo caso si raggiunge un picco relativamente presto dopo il quale il virus inizia un processo remissivo fino a raggiungere pochi casi isolati o la sua totale scomparsa. Inoltre, ci sono alte probabilità che, al suo picco, il numero di infetti sia inferiore alla popolazione totale. In questo caso, per esempio, la malattia raggiunge il 52% della popolazione attorno al 160-esimo giorno. Di seguito il grafico del modello SIR ottenuto per spprossimazione (per completezza sono mostrate anche le equazioni differenziali del modello).

I DATI DEL COVID

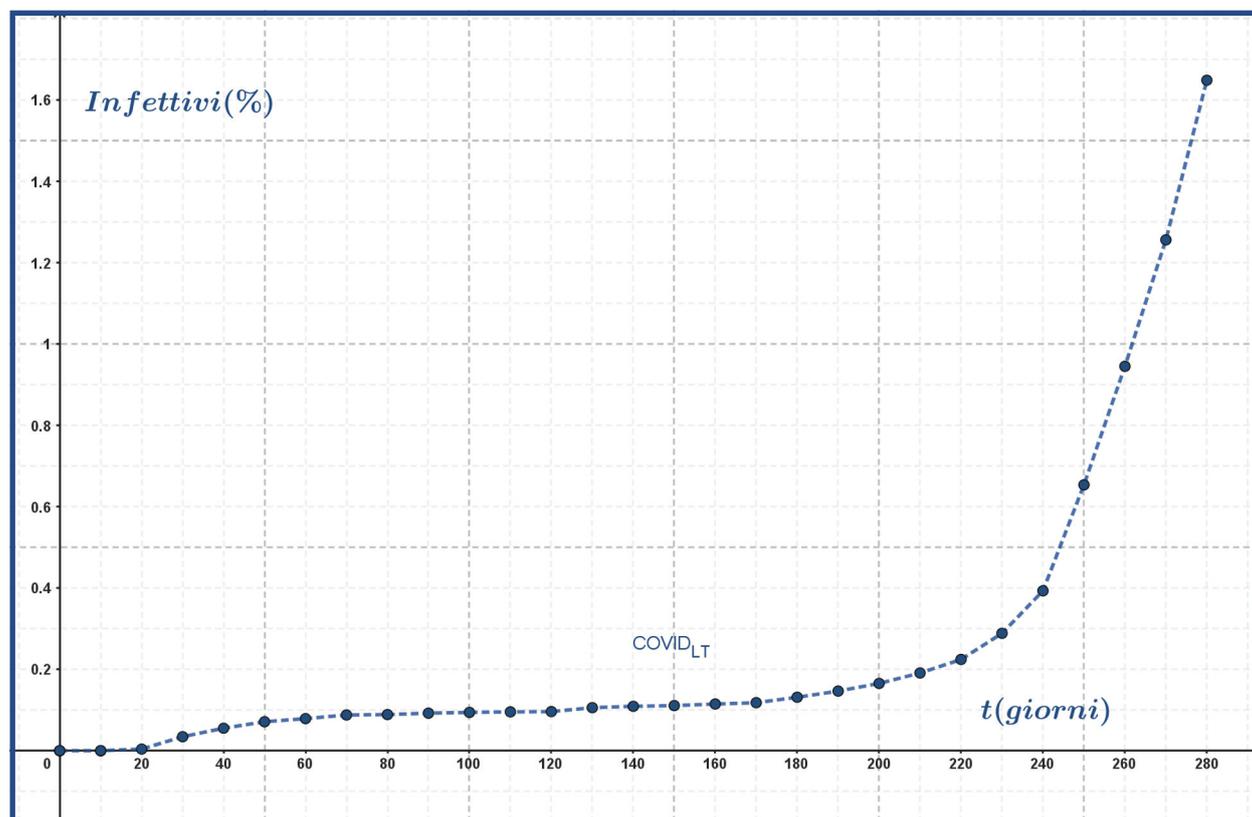
Riporta i dati raccolti su un grafico Geogebra, otterrai così l'andamento del numero di infetti in funzione del tempo trascorso. Cosa riesci a dedurre da questo grafico? Dov'è il picco? Assomiglia alla curva del modello SIR già presente sul grafico?

Per facilitare il lavoro abbiamo preso in considerazione solo i 75 giorni tra il 16.09.20 e il 29.11.20. Puoi individuarne facilmente la posizione del picco. I dati sono riportati nel grafico che si trova in fondo a questa pagina (sulle ascisse, ovviamente, il tempo in giorni e sulle ordinate gli infettivi in percentuale). Notare la somiglianza con la prima parte del grafico che si trova nella **pagina precedente**, relativo al modello SIR. I dati raccolti sono evidentemente relativi alla prima parte dell'epidemia, ben prima che venisse raggiunto il famigerato *picco*.

Riesci a rendere la curva del modello SIR simile alla spezzata aperta che rappresenta i dati reali di Latina? Quale significato assumono i valori dei parametri per i quali le due curve sono sovrapposte?

Selezionando parametri opportuni dopo alcuni tentativi, la curva del SIR approssimerà in modo relativamente appropriato la spezzata aperta basata su dati reali. Abbiamo attribuito a N il valore della popolazione di Latina nel 2020 (125.000), I_0 è pari al numero degli infettivi nel primo giorno preso in considerazione, il tasso di contagio è $\lambda = 0.069$ e a il tasso di rimozione è $\gamma = 0.0108$.

Probabilmente avrai notato che il picco del modello SIR, come già visto, non viene raggiunto al



termine dei dati riportati. Questo è dovuto al fatto che, qualche giorno dopo l'ultimo dato considerato, la redazione dei bollettini relativi al Covid è diventata facoltativa, ma l'incremento dei contagi non si è arrestato subito. Possiamo dire, quindi, che i dati sono incompleti, ma il nostro modello rispecchia l'andamento reale!

A questo punto abbiamo copiato i dati rilevati nel file GeoGebra contenente l'approssimazione del modello SIR e abbiamo *giocato* con i parametri fino a ottenere i valori riportati in precedenza. In questo modo abbiamo costruito l'andamento della malattia anche nel periodo successivo!

APPROSSIMAZIONE E STIMA DELL'ERRORE

Cerca di approssimare i dati sul grafico del Modello SIR con un polinomio di grado non troppo alto. Tieni presente che un polinomio di grado n ha $n+1$ parametri quindi potrai imporre il passaggio per $n+1$ punti.

Per l'approssimazione abbiamo scelto, dopo vari tentativi, un polinomio di decimo grado, quindi con dieci parametri e poi abbiamo imposto il passaggio per dieci punti.

La cosa importante è scegliere bene quali punti utilizzare per adattare il polinomio all'andamento dei dati. In basso nella pagina il grafico del modello SIR con i parametri conformati ai dati della provincia di Latina (rilevati e simulati con il modello per il periodo successivo a quello esaminato) nel periodo considerato. Il polinomio approssimante è tracciato in rosso e si adatta abbastanza bene alle rilevazioni sperimentali per il periodo centrale ma si discosta in modo vistoso agli estremi dell'intervallo di tempo su cui abbiamo lavorato. L'equazione è qui di seguito, con due sole cifre decimali per comodità di lettura.

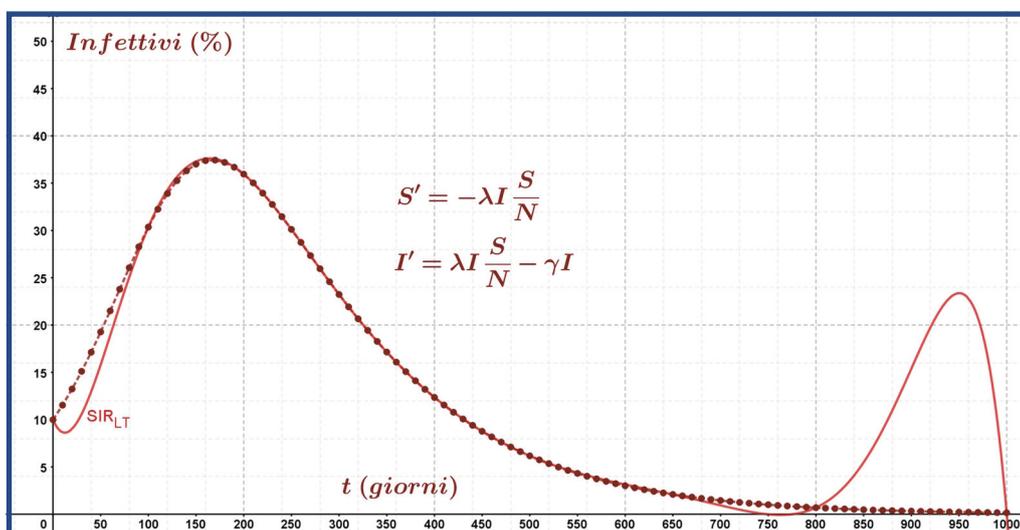
$$I(t) = -2.19 \cdot 10^{-22} \cdot x^9 + 9.68 \cdot 10^{-19} \cdot x^8 - 1.83 \cdot 10^{-15} \cdot x^7 + 1.91 \cdot 10^{-12} \cdot x^6 +$$

$$-1.21 \cdot 10^{-9} \cdot x^5 + 4.69 \cdot 10^{-7} \cdot x^4 - 1.05 \cdot 10^{-4} \cdot x^3 + 0.01 \cdot x^2 - 0.23 \cdot x + 10.0$$

L'andamento del polinomio approssimante dipende molto, ovviamente, da quali punti si scelgono per determinare i parametri. Questo è uno dei motivi fondamentali per cui conviene utilizzare un software CAS per affrontare questo laboratorio, un'applicazione di questo tipo infatti permette di ripetere tutti i calcoli solo modificando le scelte del *set* di dati scelto controllando poi la validità di questa scelta attraverso la stima dell'errore.

Stima quindi l'errore del polinomio rispetto alla funzione originale.

Quindi, ti consigliamo di fare quanti più tentativi ti sembrano opportuni a migliorare il più possibile la precisione della funzione approssimante. Visto che il polinomio approssima bene il periodo centrale, nel nostro calcolo dell'errore abbiamo trascurato i primi e gli ultimi nove dati ottenendo uno scarto quadratico medio $e = 0.06$, quindi nell'ordine di 10^{-1} . Non proprio malissimo.





LICEO SCIENTIFICO GRASSI LATINA



Istituto per le Applicazioni del Calcolo



Istituto di Fotonica e Nanotecnologie

Marine Technology Research Institute



LSS G.B. GRASSI

LICEO SCIENTIFICO STATALE G.B. GRASSI DI LATINA

WWW.LICEOGRASSILATINA.ORG

CNR - IAC

ISTITUTO PER LE APPLICAZIONI DEL CALCOLO MAURO PICONE

WWW.IAC.CNR.ORG

CNR - IFN ROMA

ISTITUTO DI FOTONICA E NANOTECNOLOGIE

WWW.ROMA.IFN.CNR.ORG

CNR - INSEAN

ISTITUTO NAZIONALE STUDI ESPERIENZE E ARCHITETTURA NAVALE

WWW.INSEAN.CNR.ORG