# Metodi Matematici Applicati alla Biologia

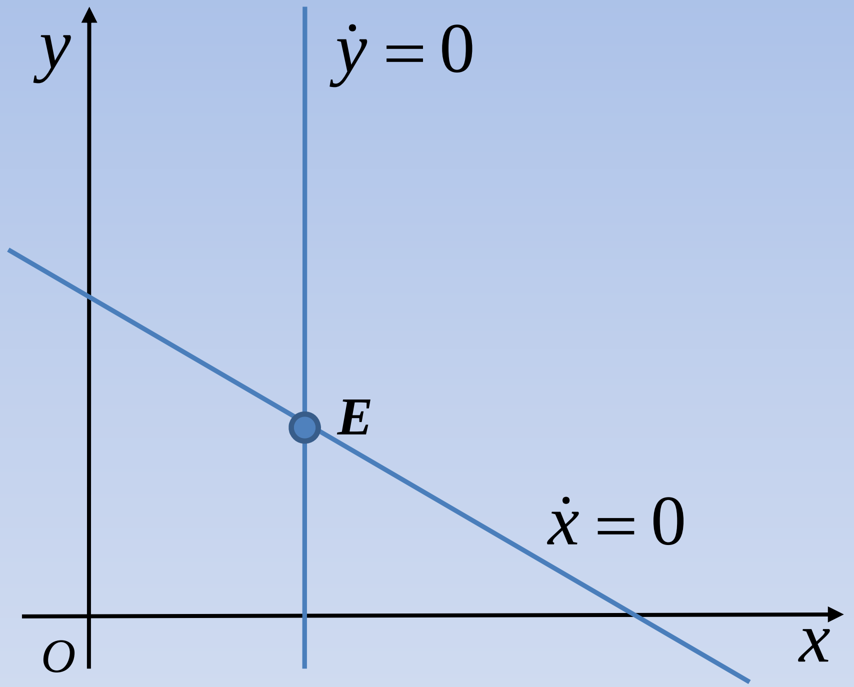
Anno Accademico 2008/09

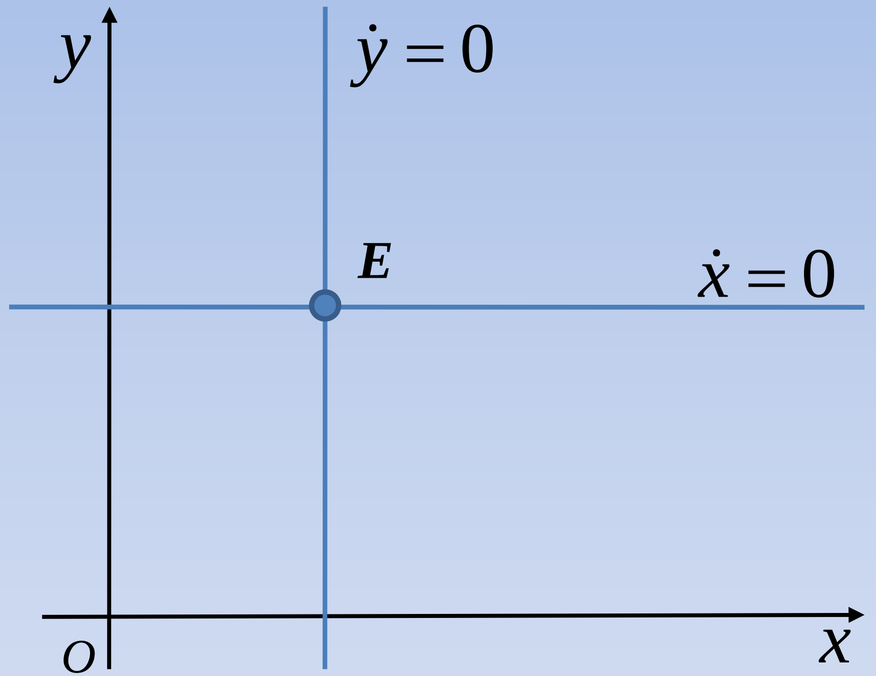
II Semestre

Settimana 5 – Aprile 2009

# Predazione: dal particolare ad un regola generale

Finora abbiamo analizzato due situazioni relative alla predazione:




**$E$ è localmente stabile**

**$E$ è neutralmente stabile**

# *Predazione: dal particolare ad un regola generale*

Ulteriori studi permettono di ricavare questa regola generale:

Se $\dot{y} = 0$ è rappresentata da una retta verticale nel piano $(x,y)$, allora la stabilità del punto fisso di coesistenza dipende dalla pendenza della curva che identifica le condizioni per cui $\dot{x} = 0$ calcolata nel punto di equilibrio, cioè:

- ✓ Se la pendenza è negativa il punto fisso è stabile;
- ✓ Se la pendenza è positiva il punto fisso è instabile;
- ✓ Se la pendenza è nulla il punto fisso è neutralmente stabile.

# *Effetto nascondiglio*

Consideriamo il caso in cui una certa quantità (fissa) di preda *k*, possa rifugiarsi in un nascondiglio.

Il sistema di equazioni differenziali diventa ora:

$$\begin{cases} \dot{x} = ax - cy(x-k) \\ \dot{y} = -ey + c'y(x-k) \end{cases}$$

cioè gli incontri casuali tra preda e predatore non riguardano le prede "nascoste".

# *Effetto nascondiglio:*

Cerchiamo ora i punti del piano identificanti situazioni in cui la preda o i predatori restano invariati.

Cominciando dalla preda:

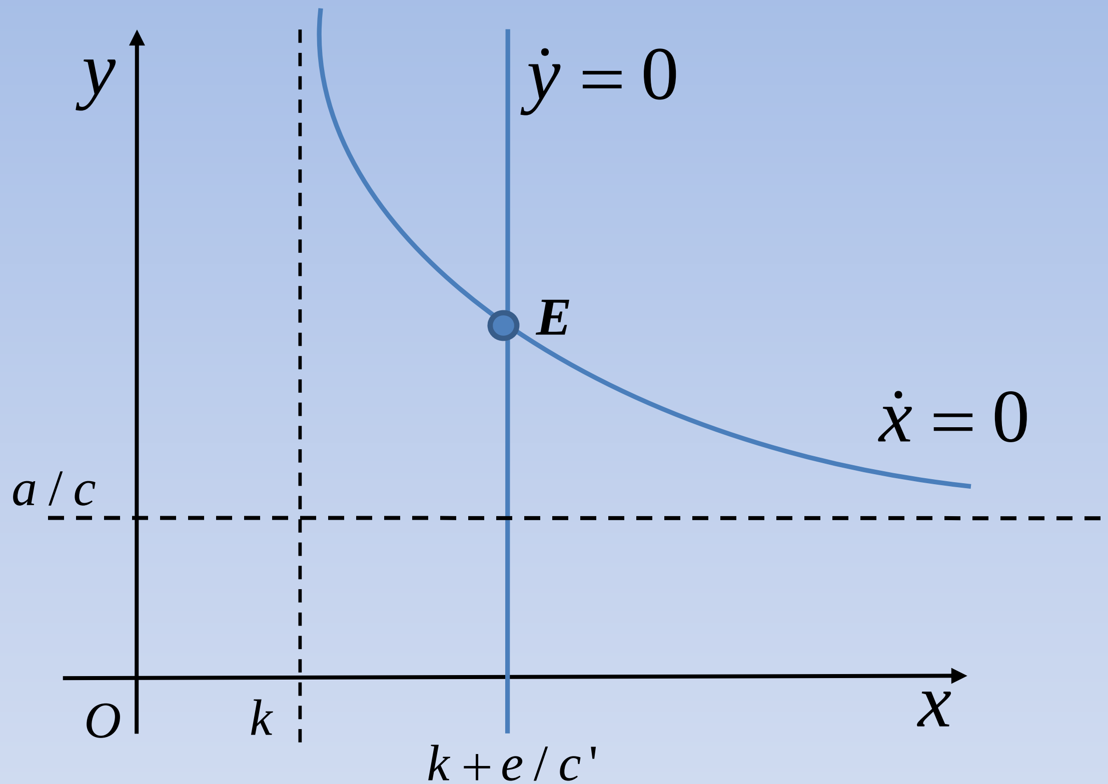
$$\dot{x} = 0 \Leftrightarrow y = \frac{ax}{c(x-k)}$$

che è rappresentata da un'iperbole, mentre per il predatore:

$$\dot{y} = 0 \Leftrightarrow y = k + \frac{e}{c'}$$

rappresentata ancora una volta da una retta verticale.

# Effetto nascondiglio:




Il punto fisso è localmente stabile, l'effetto nascondiglio risulta essere stabilizzante.

# *Competizione*

Si parla di competizione quando la presenza di una popolazione produce effetti negativi sulla crescita dell’altra, e viceversa.

La domanda a cui il modello che analizzeremo prova a rispondere è: a quali condizioni due (o più) specie in competizione che si trovano a condividere lo stesso habitat possono coesistere?

Anche questa volta uno dei matematici che studiò questo modello è Vito Volterra.

# Il modello di competizione

Prendiamo in considerazione questo sistema:

$$\begin{cases} \dot{x} = x\left[\varepsilon_1 - \gamma_1(b_1 x + b_2 y)\right] \\ \dot{y} = y\left[\varepsilon_2 - \gamma_2(b_1 x + b_2 y)\right] \end{cases}$$

dove i parametri sono tutti positivi.

In assenza dell'altra popolazione le specie crescerebbero in modo logistico:

$$\begin{cases} \dot{x} = x\left(\varepsilon_1 - \gamma_1 b_1 x\right) \\ \dot{y} = y\left(\varepsilon_2 - \gamma_2 b_2 y\right) \end{cases}$$

con capacità portanti $\overline{x} = \dfrac{\varepsilon_1}{b_1\gamma_1}$ e $\overline{y} = \dfrac{\varepsilon_2}{b_2\gamma_2}$ rispettivamente.

## *Punti Stazionari*

Di certo esistono questi tre stati stazionari:

$$O=(0,0) \quad ; \quad P_1=(\overline{x},0) \quad ; \quad P_2=(0,\overline{y})$$

che prevedono la scomparsa di una o entrambe le popolazioni.

Per trovare uno stato stazionario con entrambe le quantità positive dobbiamo trovare soluzioni al sistema:

$$\begin{cases} \varepsilon_1-\gamma_1(b_1x+b_2y)=0 \\ \varepsilon_2-\gamma_2(b_1x+b_2y)=0 \end{cases}$$

# *Stati stazionari*

Il sistema può essere riscritto in questo modo:

$$\begin{cases} b_1 x + b_2 y = \dfrac{\varepsilon_1}{\gamma_1} \\ b_1 x + b_2 y = \dfrac{\varepsilon_2}{\gamma_2} \end{cases}$$

che risolto per sostituzione fornisce la condizione:

$$\frac{\varepsilon_1}{\gamma_1} = \frac{\varepsilon_2}{\gamma_2}$$

che ammette infinite soluzioni se le due popolazioni sono identiche e nessuna se le popolazioni sono diverse.

# Esito dinamico

Cosa succede allora se le due popolazioni sono diverse?

Analizziamo la stabilità degli altri punti fissi.

I quattro elementi della Jacobiana sono:

$$J_{11} = \varepsilon_1 - 2\gamma_1 b_1 x - \gamma_1 b_2 y$$
$$J_{12} = -\gamma_1 b_2 x$$
$$J_{21} = -\gamma_2 b_1 y$$
$$J_{22} = \varepsilon_2 - 2\gamma_2 b_2 y - \gamma_2 b_1 x$$

# *Stabilità dei punti fissi*

La matrice Jacobiana calcolata nell'origine è:

$$J_O^* \equiv \begin{bmatrix} \varepsilon_1 & 0 \\ 0 & \varepsilon_2 \end{bmatrix}$$

e permette di concludere che l'origine è sempre instabile dato che i due autovalori ($\varepsilon_1$ ed $\varepsilon_2$) sono entrambi positivi.

Proviamo con $P_1$ sapendo che il ragionamento sarà simmetrico (ad indici invertiti) per $P_2$:

$$J_{P_1}^* \equiv \begin{bmatrix} -\varepsilon_1 & -\varepsilon_1 \dfrac{b_1}{b_2} \\ 0 & \varepsilon_2 - \dfrac{\gamma_2}{\gamma_1}\varepsilon_1 \end{bmatrix}$$

# *Stabilità dei punti fissi*

La condizione per la locale stabilità è:

$$\varepsilon_2 - \frac{\gamma_2}{\gamma_1}\varepsilon_1 < 0 \Leftrightarrow \frac{\varepsilon_2}{\gamma_2} < \frac{\varepsilon_1}{\gamma_1}$$

Che significa che la specie col pedice 1 è “più forte”. Il caso contrario porta alla stabilità di $P_2$.

PRINCIPIO DI GAUSE (ESCLUSIONE COMPETITIVA)

Se due specie condividono lo stesso habitat una delle due sopravvivrà mentre l’altra è destinata all’estinzione.

# *MODELLI EPIDEMICI*

I modelli epidemici permettono di studiare le epidemie su una popolazione animale o umana. Oggetto di studio sono la durata e l’evoluzione dell’epidemia e anche la vita attesa della popolazione.

I padri fondatori di questa modellistica sono W.O. Kermack e A.G. McKendrick che pubblicarono un importante lavoro nel 1927.

Attraverso i primi semplici modelli vedremo come questi problemi possano essere trattati tramite una strumentazione matematica.

# Modello S$\rightarrow$I

Questo modelli riguardano situazioni in cui la popolazione (N) è formata da due sottopopolazioni: gli individui sani ma suscettibili di essere infettati (S) e gli individui infetti (I), che hanno contratto l'epidemia e la possono trasmettere.

Sotto l'ipotesi di popolazione costante e di non letalità dell'epidemia (non si muore contraendola), in ogni istante di tempo dovrà valere:

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

# *Dinamica degli infetti*

Assumiamo che il numero degli infetti cresca in modo proporzionale agli incontri tra sani e infetti:

$$\dot{I} = \frac{\partial I(t)}{\partial t} = \beta S(t) I(t)$$

Dove il parametro $\beta$ >0 misura il tasso di infezione (FORZA DELL'INFEZIONE).

In questo genere di modello, se analizziamo la dinamica degli infetti scopriamo, per differenza, anche il destino dei sani infatti:

$$S(t) = N - I(t)$$

## *Dinamica degli infetti*

Sostituendo nell'equazione dinamica otteniamo:

$$\dot{I} = \beta\left[N - I(t)\right]I(t) = \beta N I(t)\left[1 - \frac{I(t)}{N}\right]$$

che è un'equazione logistica del tipo generale:

$$\dot{x} = a x(t)\left(1 - \frac{x(t)}{b}\right)$$

che fornisce come soluzione:

$$x(t) = \frac{b x_0 e^{at}}{b + x_0\left(e^{at} - 1\right)}$$

# Dinamica degli infetti

Nel nostro caso a=$\beta$N e b=N, da cui:
che fornisce come soluzione:

$$I(t) = \frac{NI_0 e^{\beta Nt}}{N + I_0(e^{\beta Nt} - 1)}$$

Usiamo come ipotesi semplificatrice $I_0$=1 e dividiamo per $e^{\beta \mathrm{N}t}$:

$$I(t) = \frac{N}{(N-1)e^{-\beta Nt} + 1}$$

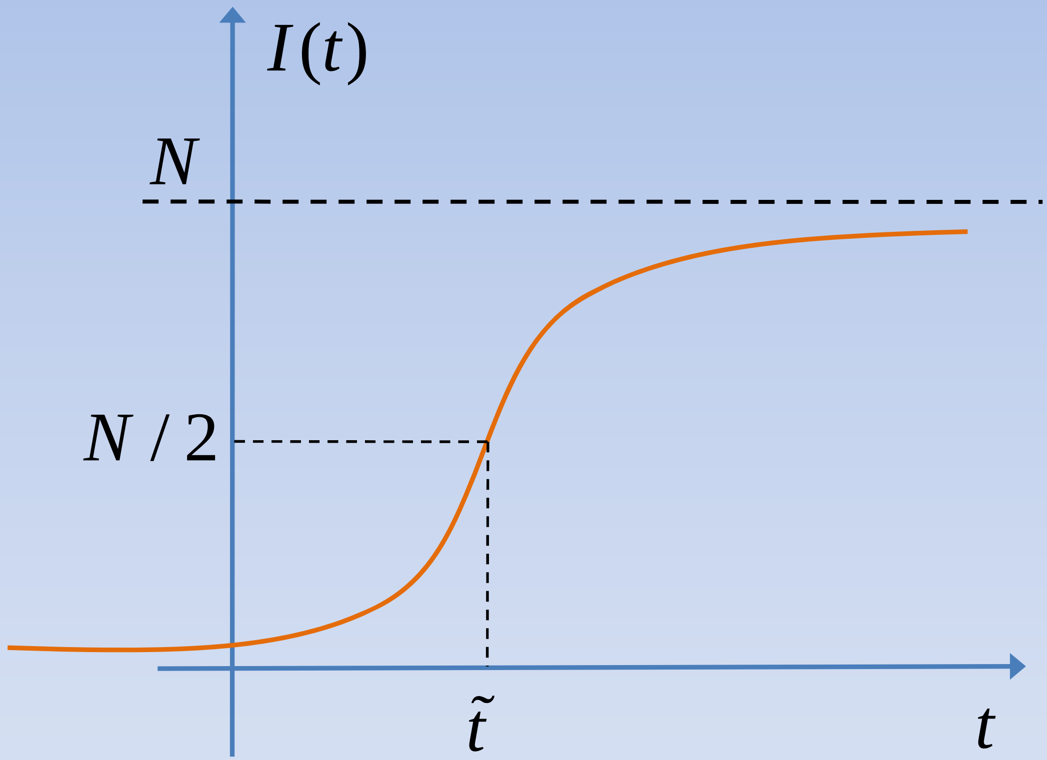
il cui limite è:

$$\lim_{t \to +\infty} I(t) = N$$

quindi TUTTA LA POPOLAZIONE VIENE INFETTATA.

## *Dinamica degli infetti*

L'evoluzione nel tempo è la stessa della nota equazione logistica:




$\tilde{t}$ è l'istante di massima forza dell'epidemia, dove cresce più rapidamente

# Dinamica degli infetti

Per trovare $\tilde{t}$ dobbiamo risolvere:

$$\frac{N}{2}=\frac{N}{(N-1)e^{-\beta N\tilde{t}}+1}$$

da cui:

$$e^{-\beta N\tilde{t}}=\frac{1}{(N-1)}$$ , passando ai logaritmi: $$-\beta N\tilde{t}=\ln\left[\frac{1}{(N-1)}\right]$$

Semplificando ln1=0 e dividendo per -1:

$$\beta N\tilde{t}=\ln(N-1)$$ e infine $$\boxed{\tilde{t}=\frac{\ln(N-1)}{\beta N}}$$

# Modello S→I→S

Il modello sviluppato precedentemente, benché adatto a spiegare alcuni tipi di epidemie diffuse tra gli animali (non mortali e senza periodo di latenza), col suo risultato estremo per cui l'intera popolazione è destinata ad infettarsi, non possiede un sufficiente grado di generalizzazione.

Arricchiamo il modello introducendo la possibilità di guarigione per chi contrae l'epidemia.

Sotto questa ipotesi la dinamica degli infetti può essere del tipo:

$$\dot{I} = \beta S(t)I(t) - rI(t)$$

dove $r \geq 0$ è una misura della *velocità di guarigione*.

# Modello S→I→S

Sostituendo la solita condizione $S(t) = N - I(t)$ abbiamo che:

$$\dot{I} = \beta\left[N - I(t)\right]I(t) - rI(t)$$

che dopo alcuni passaggi algebrici ci fornisce la logistica:

$$\dot{I} = \left(\beta N - r\right)I(t)\left(1 - \frac{\beta I(t)}{\beta N - r}\right)$$

ancora del tipo:

$$\dot{x} = ax(t)\left(1 - \frac{x(t)}{b}\right)$$

dove $\quad a = \beta N - r \quad$ e $\quad b = \dfrac{\beta N - r}{\beta}$

# Soluzione del Modello S→I→S

La soluzione del modello è quindi:

$$I(t)=\frac{\left(\dfrac{\beta N-r}{\beta}\right)I_0e^{(\beta N-r)t}}{\left(\dfrac{\beta N-r}{\beta}\right)+I_0(e^{(\beta N-r)t}-1)}$$

svolgiamo alcuni passaggi algebrici. Moltiplichiamo Num e Den per $\beta$:

$$I(t)=\frac{(\beta N-r)I_0e^{(\beta N-r)t}}{(\beta N-r)+\beta I_0(e^{(\beta N-r)t}-1)}=\frac{(\beta N-r)I_0e^{(\beta N-r)t}}{(\beta N-r-\beta I_0)+\beta I_0e^{(\beta N-r)t}}$$

# Soluzione del Modello S→I→S

Moltiplichiamo Num e Den per $e^{(r-\beta N)t}$:

$$I(t)=\frac{(\beta N-r)I_0}{(\beta N-r-\beta I_0)e^{(r-\beta N)t}+\beta I_0}$$

Scritta la soluzione in questa versione permette un calcolo del limite più semplice. L'esponente $(r-\beta N)$ è l'elemento fondamentale, infatti:

$$\lim_{t\to+\infty} I(t)=\begin{cases} N-\dfrac{r}{\beta} & \text{se} \quad r-N\beta<0 \\ 0 & \text{se} \quad r-N\beta>0 \end{cases}$$

# Soluzione del Modello S→I→S

Quindi:

se la velocità di guarigione è sufficientemente elevata, cioè se $r > N\beta$ allora l'epidemia scomparirà, altrimenti si arriverà ad un livello di contagiati fisso e pari a $N - \frac{r}{\beta}$ (capacità endemica), a cui si contrappone un livello di popolazione sana pari a $\frac{r}{\beta}$