

paolo carlizza (paolo.carlizza)

# Come si evolve una epidemia

29 October 2020

## Indice

- [1 Le epidemie](#)
  - [1.1 Introduzione](#)
  - [1.2 Descrizione del modello SIR](#)
  - [1.3 Parametri e proprietà caratteristiche dell'epidemia](#)
  - [1.4 Aspetti matematici dell'andamento degli infetti I](#)
  - [1.5 I grafici della simulazione](#)
  - [1.6 Il Modello SIRS](#)
  - [1.7 Modello SIS](#)
  - [1.8 Riferimenti bibliografici](#)
  - [1.9 Listato del programma in MATLAB](#)

## Le epidemie

### Introduzione

*Ai giudici che, in Milano, nel 1630, condannarono a supplizi atrocissimi alcuni accusati, d'aver propagata la peste con certi ritrovati sciocchi non men che orribili, parve d'aver fatto una cosa talmente degna di memoria, che, nella sentenza medesima, dopo aver decretata, in aggiunta de' supplizi, la demolizione della casa d'uno di quegli sventurati, decretarono di più, che in quello spazio s'innalzasse una colonna, la quale dovesse chiamarsi infame, con un'iscrizione che tramandasse ai posteri la notizia dell'attentato e della pena. E in ciò non s'ingannarono: quel giudizio fu veramente memorabile.*

A. Manzoni

"Storia della colonna infame", 1842

Se l'uomo ha da sempre convissuto con le malattie infettive e se anche gli scenari drammatici della propagazione di pestilenze sembrano appartenere al lontano passato, il problema di affrontare sempre nuove emergenze sanitarie non è mai tramontato.

Al giorno d'oggi la peste prende di volta in volta nomi diversi (o sigle) come AIDS, SARS, Aviaria e così via, ma non cambia la paura di trovarsi coinvolti in una pandemia ... così come non cambiano la paura nei confronti dell'untore e l'antica diffidenza per il diverso, magari vicino di casa ....

Ciò che rende purtroppo attuale l'amara riflessione del Manzoni. La modellizzazione della propagazione di malattie infettive ha un importante precedente nel lavoro di Daniel Bernoulli, ma il prototipo da cui è seguito ogni altro modello matematico di epidemia viene impostato ai primi del novecento da Kermack e McKendrick ed è contemporaneo dei modelli di popolazione di Lotka e Volterra. E, come gli altri modelli, resta a lungo ignorato per essere ripreso e sviluppato negli anni 70, nel corso della ripresa generale di interesse per i problemi di popolazione.

Ora più che mai questo argomento è di scottante attualità, sin dallo scorso anno, per la diffusione di un'epidemia, estesasi a pandemia, abbastanza pericolosa, che ha già prodotto molti morti e dato adito a tantissime restrizioni nella vita civile di oggi: il covid 19, con le sue temibilissime varianti, che ci stanno rovinando un'esistenza normale e serena. Esamineremo per questo, un modello molto usato, dagli enti epidemiologi nazionali ed internazionali, che risale dalla fine degli anni '20 del secolo scorso, quello già citato, di Kermack e McKendrick, che si sviluppa in tanti sottomodelli, che a loro volta sono soggetti a situazioni particolari.

Alla fine risulterà un modello globale che sarà la sovrapposizione dei sottomodelli citati. Il modello è detto SIR e SIRS, SIRV e SIR demografico, sono i derivati; le sigle sono dedotte dalle iniziali delle denominazioni dei gruppi coinvolti.

## **Descrizione del modello SIR**

Consideriamo, per costruire un modello matematico, per le epidemie, una popolazione, chiusa in un dominio, dove rimane costante un numero d'individui e uniforme in tutte le caratteristiche in modo che i comportamenti e le reazioni agli stimoli esterni patologici, siano comunque uguali, per ciascun individuo, in un tempo di epidemia.

Partiamo dal modello SIR semplificato e lasciamo da parte il modello, da cui deriva il SI (dove non compaiono i rimossi, che sono i guariti immunizzati e/o i morti), dove una popolazione di numero  $N$  individui, è divisa in un certo sottonumero di  $S$  individui suscettibili,  $I$  di infetti e  $R$  di rimossi.

I suscettibili sono soggetti non totalmente autoimmunizzati, che possono prendere o essere soggetti a una malattia virale, tramite contagio, gli infetti sono quelli che hanno preso la malattia e sono anche coloro che possono contagiare i suscettibili ed  $R$  sono i rimossi, ossia gli individui che sono guariti totalmente e definitivamente immunizzati, senza ritorno ad essere suscettibili, più i morti.

In un secondo momento i morti saranno considerati a parte e saranno tenuti in conto negli altri modelli matematici che vedremo, non immediatamente.

In Figura 1, è riportato lo schema a blocchi del modello SIR.

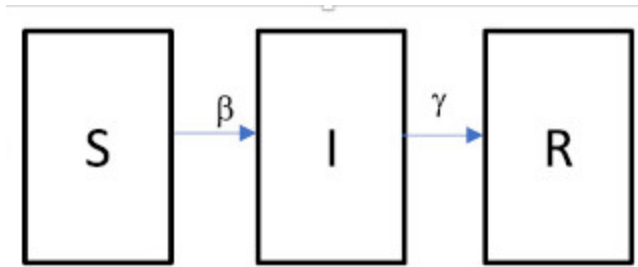


Fig. 1. Schema a blocchi del modello SIR

Con la speranza di essere stato chiaro, proseguiamo, affermando in base alle ipotesi iniziali che

$$S+I+R=N=\text{costante (1)}$$

per tutto il periodo sotto studio, mentre  $S_0$ ,  $I_0$  e  $R_0$  sono i valori di  $S$ ,  $I$ ,  $R$  al tempo iniziale  $t=0$ , che solitamente ed opportunamente è espresso in giorni.

All'inizio  $S$  è pari all'incirca a tutta la popolazione  $N$  e quindi

$S_0 \approx N$ , mentre  $I_0 \approx 0$  ed  $R_0 = 0$ . ovviamente, perché è troppo presto per infetti, guariti e/o morti.

Portamo dunque una semplificazione, che ci sarà molto utile, dividendo la (1) per  $N$  e avremo dunque

$$S + I + R = 1$$

e le nostre variabili  $S, I, R$  saranno ridotte a percentuali di popolazione: questo per non avere a che fare con numeri molto grandi, che caratterizzano le popolazioni.

Quindi ci ricorderemo, anche se parleremo di numeri di individui in un gruppo  $S$ ,  $I$  o  $R$ , questi sono solo una frazione dell'unità, che rappresenta il numero effettivo  $N$ .

Cominciamo col supporre che un infetto  $I$ , abbia un certo numero di contatti  $c$  in una certa area di suscettibili  $S$ , che hanno una probabilità  $q$  di essere contagiati, per ogni contatto; ne segue che  $c \cdot q \cdot S$  è la probabilità dei suscettibili  $S$  di essere contagiati da un solo infetto.

Se moltiplichiamo il tutto per  $I$ , avremmo il numero di contagiati, che sono diventati infetti e quindi il numero di suscettibili è diminuito di questa quantità e si può scrivere allora

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

ossia la diminuzione del numero dei suscettibili nell'unità di tempo e' pari alla probabilità di contagio  $\beta$  dei suscettibili, per lo stesso numero dei suscettibili e per il numero degli infetti; il segno meno sta a significare questa diminuzione.

Per gli infetti, l'aumento nell'unità di tempo è proporzionale sia a S che ad I nella stessa direzione e quindi non c'è il segno meno come la precedente equazione, ma è diminuito nello stesso tempo dal numero dei rimossi (guariti e morti), indicato con  $\gamma I$ , ove gamma la probabilità di guarigione o l'inverso del tempo di durata della malattia, per cui:

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

Il modello matematico SIR si esaurisce con la terza equazione differenziale, che sanziona che l'aumento dei rimossi (guariti o morti) nell'unità di tempo vale  $\gamma I$  e quindi si ha

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

Si ottiene un sistema di equazioni differenziali non lineare nelle variabili S,I ed R non facilmente risolvibile ed in questo caso, per calcolarlo ci può venire in aiuto un computer, usando l'algoritmo numerico delle differenze finite, discretizzando le equazioni con un certo passo di calcolo.

Il sistema

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S(t) - \gamma)I(t)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t)$$

puo' essere discretizzato conoscendo i valori delle variabili ai tempi  $t_{k+1}$  e  $t_k$ , immediatamente adiacenti, partendo da  $t_0$  ( $k=1$ ), dove  $S = S_0, I = I_0$  ed  $R = R_0$ , avendosi così

$$S_{k+1} = S_k - \beta S_k I_k \Delta t$$

$$I_{k+1} = I_k + (\beta S_k - \gamma) I_k \Delta t$$

$$R_{k+1} = R_k + \gamma I_k \Delta t.$$

Ma data la proprietà della costanza delle popolazione si ha

$$R = 1 - S(t) - I(t)$$

e si ottiene al posto della terza equazione discreta

$$R_{k+1} = 1 - S_k - I_k$$

Per chi non avesse troppa dimestichezza con l'analisi numerica derivata dalla matematica differenziale, si chiarisce che le equazioni discretizzate sono ricavate da quelle continue,

sostituendo alle derivate il rapporto di incrementi finiti, ovvero  $\frac{\Delta f}{\Delta t}$  con  $f=S, I$  o  $R$  e moltiplicando ambo i membri delle equazioni stesse ricavate per  $\Delta t$ ; quindi,  $\Delta f = f_{k+1} - f_k$ , e  $\Delta t = t_{k+1} - t_k$  e infine spostando al secondo membro i termini con il pedice  $k$ , con segno cambiato, si ottengono le equazioni discretizzate, pronte per poter essere inserite in un programma di calcolo, avendo ottenuto così le cosiddette equazioni di Eulero, un caso semplificato delle equazioni di Runge - Kutta, molto note nel calcolo differenziale discreto - numerico.

## Parametri e proprietà caratteristiche dell'epidemia

Prima di mostrare i grafici degli andamenti delle grandezze  $S, I$  ed  $R$  nel tempo (giorni), è bene focalizzarsi su alcuni punti che inquadrano l'epidemia. Come vedremo nei grafici, avremo nel tempo un calo rapido dei suscettibili che scendono verso un asintoto orizzontale, che può avvicinarsi a zero o no, una crescita degli infetti di tipo esponenziale che può presentare un massimo e una decrescita, e una crescita dei rimossi, ma gli andamenti delle grandezze difendono dal rapporto, che s'instaura tra i contagiati ed i guariti. Se andiamo ad analizzare la seconda equazione differenziale, abbiamo che

$$dI = (\beta S(t) - \gamma)I(t)dt;$$

ponendo la precedente espressione come

$$dI \geq 0,$$

ossia

$$\frac{\beta}{\gamma} S(t) \geq 1$$

e mettendoci all'inizio della simulazione epidemica, ovvero al tempo  $t=0$ , con  $S = S_0$ ,

si ottiene

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} S_0$$

con

$S(t) = S_0 = 1$ , dato che all'inizio i suscettibili sono praticamente tutta la popolazione. Quindi;

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \geq 1$$

Il numero  $R_0$ , che è il tasso di riproduzione del contagio, ossia quante persone sono contagiate per ogni infetto che le contagia, è in qualche modo legato al rapporto dei contagiati e dei guariti. Se esso è maggiore di uno, vuol dire che gli infetti aumentano e l'epidemia si espande, ed il loro andamento presenta un picco alto spostato nel tempo verso la destra delle ascisse, dove mano a mano si restringe ed assume valori maggiori (vedere grafici di Fig. 3 e 4, più avanti), mentre se è minore di uno l'epidemia decade rapidamente senza picchi di infetti (vedi grafico di Fig. 2), e si ha l'*eradicazione epidemica*, ma solo in questo caso ideale, perché i guariti, nella realtà, non essendo tutti autoimmunizzati, potrebbero diventare di nuovo suscettibili e quindi avremo un modello SIRS, che vedremo in seguito; ma nel nostro caso SIR, come detto, si ha l'estinzione dell'epidemia stessa. Vedremo, nel caso SIRS, che si ha un regime regolato di convivenza col virus, che è costantemente controllato, come si fa per esempio per tutte le malattie

$\beta$

influenzali. Analizziamo il rapporto  $\frac{\beta}{\gamma}$ :  $\beta$  è legato alla probabilità di contagio, mentre  $\gamma$  alle misure di guarigione e noi vogliamo che  $\beta$  diventi sempre più piccolo e  $\gamma$  sempre più grande, in modo d'avere  $R_0$  minore di 1. Diminuire  $\beta$  vuol dire prendere misure di prevenzione, tipo lockdown; stare a casa, distanza di sicurezza, mascherina e eliminazione di assembramenti, i spezzettare un grossi gruppi in tanti sottogruppi separati, lo smart working ed altro che ora sappiamo. Se aumentiamo  $\gamma$  la curva di  $R$  cresce e il suo valore finale dipende da  $S$  e da  $I$ , soprattutto da  $I$ , in quanto  $S$  molte volte decade verso lo zero. Come si aumenta  $\gamma$ ?

Con le cure ospedaliere, i ricoveri, tutti mezzi che portano forzatamente verso la guarigione, quando è possibile.

## Aspetti matematici dell'andamento degli infetti $I$

Se facciamo il rapporto tra  $dI$  e  $dS$ , otteniamo la seguente espressione:

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\gamma}{\beta S} - 1$$

Questa relazione differenziale nelle variabili I e S è integrabile a variabili separabili e porta risolta ad un integrale indefinito, con costante C.

$$I = \frac{\gamma}{\beta} \ln S - S + C$$

dove C è calcolato, ponendo

$$I(0) = \frac{\gamma}{\beta} \ln S_0 - S_0 + C$$

e vale 1.

Infatti, sostituendo 1 a C e ponendo  $S = S_0 <$ , l'espressione degli infetti si annulla, come deve essere. Derivando sempre questa espressione, ponendo a 0 e sostituendo l'ascissa trovata sempre nella espressione degli infetti, si trova il massimo del picco, che vale:

$$I_M = 1 - \frac{1 + \ln R_0}{R_0}$$

Un'ultima osservazione è quella di considerare la soglia  $\frac{\gamma}{\beta}$ ; questa e' una sorta di rapporto tra i guariti e i contagiati e riportata sull'asse delle ordinate dei grafici delle tre grandezze S,I,R ha un significato particolare, dipendente proprio dall' $R_0$ , infatti, la retta orizzontale della soglia intercetta la curva S in un'ascissa temporale, che e' quella corrispondente al massimo di corrente.

## I grafici della simulazione

Per eseguire la simulazione del modello SIR, ho usato il programma matlab (per chi non lo avesse è scaricabile scilab, che è altrettanto esauriente) ed ho impostato un passo di simulazione di un decimo di giorno, mentre ho osservato l'evoluzione epidemica per 80 giorni. I risultati si vedono per  $R_0 = 0.9, 2, 4$  nelle Figg. 2,3,4 sottostanti.

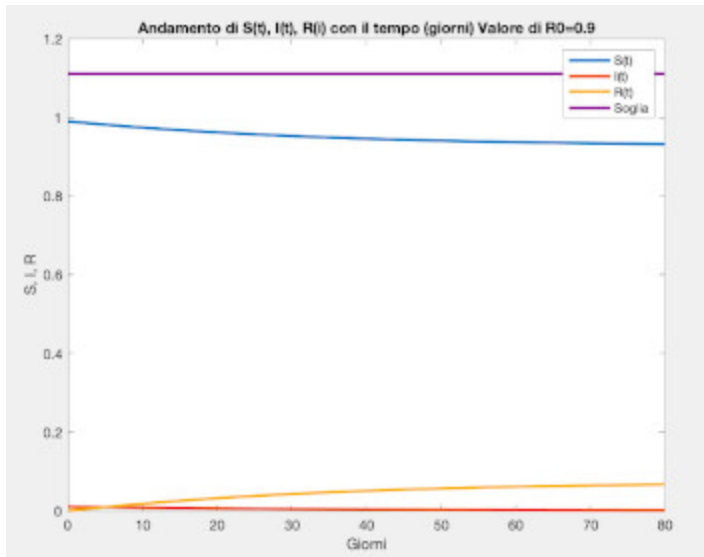


Fig. 2. Modello SIR con  $R_0=0.9$

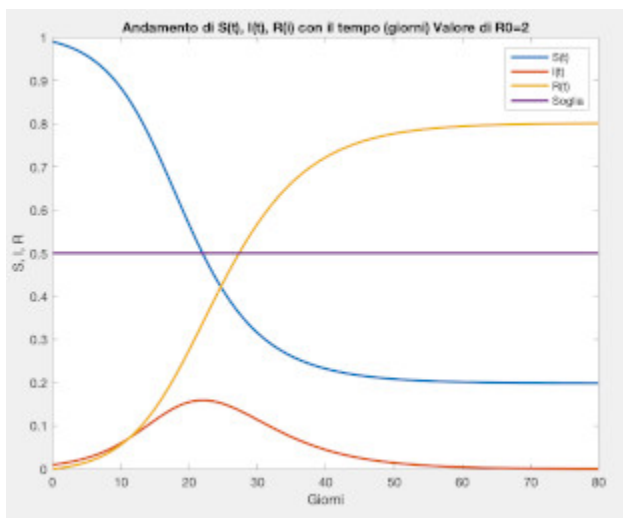


Fig. 3. Modello SIR con  $R_0=2$

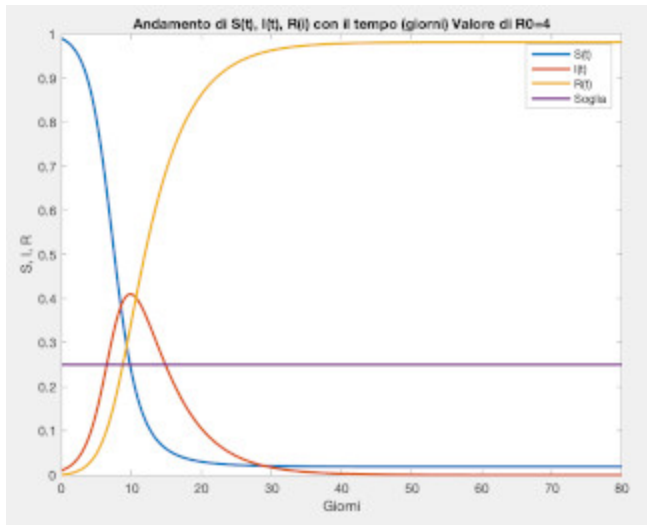


Fig. 4. Modello SIR con  $R_0=4$

Dalla Fig. 2, con  $R_0 = 0.9$ , l'epidemia è molto contenuta, la soglia è molto alta naturalmente, gli infetti sono prossimi allo zero e i guariti aumentano in maniera graduale, ma il loro numero non è grande, dato che l'epidemia non si propaga fortemente, mentre i suscettibili non decrescono di molto, come deve essere.

Per  $R_0 = 2$  si vede che il numero degli infetti aumenta, presenta un picco verso la parte centrale-destra del grafico, ossia l'epidemia intensificata appare con un certo ritardo, dopo 20 giorni circa, i suscettibili cominciano a calare in maniera sensibile, tendendo a un valore del 20% costante per grandi tempi in giorni, ma aumenta anche il numero dei guariti. Si osserva che la soglia evidentemente è scesa fino al 50%.

Nel terzo grafico di Fig. 4, la soglia si abbassa ancora di più (25%), gli infetti hanno un picco che si avvicina all'asse delle ordinate, la curva è più stretta di prima, e l'epidemia si manifesta fortemente dopo poco più di una settimana, con valore di picco più alto, per ritornare a zero, dopo circa un mese.

I suscettibili decrescono rapidamente, verso il valore zero, mentre i guariti aumentano considerevolmente, fino a quasi tutta la popolazione per valori alti di  $t$ , in quanto sia gli infetti che i suscettibili stanno verso lo zero, ricordando che la somma  $S + I + R$  è pari al 100% della popolazione ed  $R = 1 - S - I$ .

Per concludere questa parte sul modello SIR, occorre affermare, che questo è di tipo semplificato, perché non si tiene conto di tanti altri fattori e si avverte che non bisogna illudersi troppo, che quanto detto è verità molto fedele alla realtà; però, già si può dire, che si ha una buona sensazione di come possono evolvere le epidemie, compreso il covid. Nei prossimi paragrafi, introdurremo nel modello SIR delle aggiunte, che riguarderanno le seguenti ipotesi:

- i rimossi possono di nuovo tornare tra gli infetti (modello SIRS)
- s'introdurranno parametri demografici, come la natalità/immigrazione e la mortalità/emigrazione
- verrà aggiunto l'effetto della vaccinazione (modello SIRV)
- sarà considerata la mutazione del virus, mediante le varianti.

Vedremo che questi modelli aggiungeranno qualche informazione in più, ma in fondo si tratterà di avere a che fare ancora con modelli semplificati e quindi, uno studio vicinissimo alla realtà richiede ulteriori sforzi, perché occorrerà considerare ancora molteplici situazioni, che interferiscono con i modelli più semplici. Alla fine dello studio, faremo una schema a blocchi completo di tutte le nostre considerazioni presenti e future, che potrà ridursi per i più volenterosi, ad un complesso, ma non impossibile sistema di equazioni differenziali, risolvibili con il calcolatore, con algoritmi ad elementi finiti, come è stato fatto fino ad ora.

## Il Modello SIRS

In questo contesto, come annunciato poco prima, le cose cambiano un po', in quanto s'introduce l'ipotesi che i guariti, non sono definitivamente immuni dal virus, ma possono di nuovo riammalarsi, a causa di probabili nuovi contagi. LO schema a blocchi ora risulta reazionato all'indietro, in quanto i rimossi R, si trasformeranno in parte di nuovo in suscettibili, rendendo possibile un nuovo ciclo di infezioni. La figura dello schema di Fig. 5 presenterà sì i blocchi S, I, R, ma con un collegamento retroattivo che rientra nel blocco S, mediante un nuovo ingresso dato da  $\xi R(t)$ .

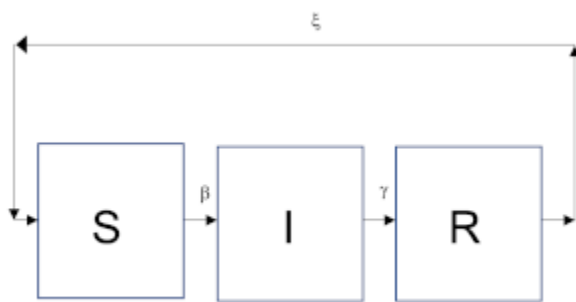


Fig.5. Modello SIRS

Il sistema di equazioni differenziali SIR si trasformerà nel seguente

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \xi R(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S(t) - \gamma)I(t)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t) - \xi R(t)$$

Stavolta il sistema si spiega, notando che nella prima equazione differenziale e' stato aggiunto un termine che e' una frazione  $\xi$  di  $R(t)$ , in quanto una parte dei rimossi e' tornata suscettibile e contribuisce al computo di  $S(t)$ , mentre nella terza i rimossi sono diminuiti della stessa quota parte. Senza stare a fare i calcoli con le differenze finite e un programma per esempio Matlab, ormai lo abbiamo imparato, si ottengono degli andamenti grafici, di  $S$ ,  $I$ ,  $R$  nel tempo. Non ci dilungheremo sulla parte grafica, ma possiamo dire che a differenza del modello SIR, se  $R_0$  è maggiore di 1, l'epidemia esplode, ma raggiunge alla fine l'equilibrio endemico di natura stabile dove  $S$ ,  $I$ ,  $R$  sono costanti. I loro valori sono all'equilibrio

$$S = \frac{\gamma}{\beta}$$

$$I = \frac{1 - \frac{\gamma}{\beta}}{1 + \frac{\gamma}{\xi}}$$

$$R = \frac{1 - \frac{\gamma}{\beta}}{1 + \frac{\xi}{\gamma}}$$

Cocludendo questa parte, si puo' dire che l'infezione e' sempre presente e non si estingue mai a valori nulli. Questo è anche il caso di malattie come il raffreddore o l'influenza generica.

## Modello SIS

Questo modello epidemico e' simile al precedente, solo che non tiene conto dei rimossi  $R(t)$ . Infatti si prevede direttamente che i guariti  $\gamma$  possa diventare di nuovo suscettibili, in quanto perdono di nuovo l'immunità. Le equazioni del modello SIR sono leggermente modificate, in quanto nella prima è aggiunto il termine  $\gamma$ , che va ad incrementare i suscettibili, mentre sparisce la terza equazione differenziale. Praticamente il modello

riflette il SIRS, come approccio di studio, ma formalmente ci si riduce ad esaminare solo le grandezze S ed I. Il sistema di equazioni e' il seguente

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \gamma I(t)$$

$$\frac{dI}{dt} = (\beta S(t) - \gamma)I(t)$$

Come gia' detto per il modello SIRS, a differenza del SIR, che in assenza di ripetuti focolai, la malattia va ad estinguersi, per il SIS dopo un certo tempo, si raggiunge l'equilibrio endemico, ossia presenza costante dei parametri che caratterizzano lo stato di presenza del virus. Per esempio se  $\gamma=1$  abbiamo un equilibrio dove S va quasi a zero, mentre I assume valori elevati, rimanendo costanti nel tempo. Se  $\gamma$  aumenta, ossia la velocita' di guarigione cresce ed il tempo medio della malattia diminuisce, i contributi di S ed I, si equiripartiranno., diventando endemicamente quasi coincidenti, se diamo a  $\gamma$  il valore di 10. Se infine si trova una cura o un rimedio efficace per aumentare ulteriormente la velocita' di guarigione ( $\gamma=17$ ), puo' accadere la situazione opposta alla prima, in cui S aumenta e I diminuisce quasi a zero e questa e' una situazione dove l'endemicita' della malattia e' controllata per lungo tempo. In questo caso nuovi focolai saranno molto meno efficaci e stabilirsi regimi endemici critici e' meno probabile. Il tutto si osserva nelle Figg. 6,7 e 8.

## Riferimenti bibliografici

- Bluedot - *"Come prevedere le pandemie"* - Gruppo Editoriale RBA
- Giovanni Naldi, Lorenzo Pareschi . *"MATLAB Concetti e progetti"* - Terza edizione - Maggioli editore - Febbraio 2020.
- Cristina Pocci, Giulia Rotundo, Roeland De Kok - *"MATLAB per le applicazioni economiche e finanziarie"* - Apogeo - anno 2016.
- Sito web: [http://www.science.unitn.it/~anal1/biomat/note/BIOMAT\\_08\\_09.pdf](http://www.science.unitn.it/~anal1/biomat/note/BIOMAT_08_09.pdf) - **Appunti del corso di Biomatemica di Mimmo Iannelli - Università di Trento - Dipartimento di Matematica.**
- Sito web: [http://www.bdim.eu/item?id=RUMI\\_2018\\_1\\_3\\_1\\_45\\_0](http://www.bdim.eu/item?id=RUMI_2018_1_3_1_45_0) - **Università di Parma - Rivista Unione Matematica Italiana.**
- Sito web: <https://people.dm.unipi.it/acquistp/scandurra.pdf> - **Università di Pisa - Tesi di laurea di Elena Scandurra,**

## Listato del programma in MATLAB

Per dare la possibilità, anche ai meno esperti di programmazione al computer, di seguire meglio i calcoli, allego questo ulteriore paragrafo, che mostra il listato in MATLAB della simulazione del modello SIR.

```

close all;
clear;
clc;
%la popolazione e' riferita al valore unitario pari a 1.
% le grandezze S,I,N sono espresse in percentuali
N=input('Numero passi temporali N: ');
durata=input('Valore della durata in giorni ');
r0=input('Valore di R0: ');
gamma=0.2;
beta=r0*gamma;
sog(1)=gamma/beta;
s(1)=0.99;
i(1)=0.01;
dt=durata/(N-1);
t(1)=0;
for k=1:N-1
    t(k+1)=t(k)+dt;
    s(k+1)=s(k)-beta*i(k)*s(k)*dt;
    i(k+1)=i(k)+(beta*s(k)-gamma)*i(k)*dt;
    r(k+1)=1-s(k)-i(k);
    sog(k+1)=sog(k);
end
plot(t,s,'LineWidth',2);
hold on;
plot(t,i,'LineWidth',2);
hold on;
plot(t,r,'LineWidth',2);
hold on;
plot(t,sog,'LineWidth',2);
hold off;
varr0=string(r0);
titolo=strcat('Andamento di S(t), I(t), R(i) con il tempo (giorni) Valore di R0=',varr0);
%title('Andamento di S(t), I(t), R(i) con il tempo (giorni)');
xlabel('Giorni');
title(titolo);
ylabel('S, I, R');
legend('S(t)', 'I(t)', 'R(t)', 'Soglia');

```

Fig. 5. Listato del programma di simulazione del modello SIR

Estratto da "<https://www.electroyou.it/mediawiki/index.php?title=UsersPages:Paolo.carlizza:come-di-evolve-una-epidemia>"