
BOLLETTINO UNIONE MATEMATICA ITALIANA

Sezione A – La Matematica nella Società e nella Cultura

FRANCESCA ARRIGONI

Approssimazione deterministica di modelli stocastici di metapopolazione

Bollettino dell'Unione Matematica Italiana, Serie 8, Vol. 4-A—La Matematica nella Società e nella Cultura (2001), n.3 (Fascicolo Tesi di Dottorato), p. 387–390.

Unione Matematica Italiana

[<http://www.bdim.eu/item?id=BUMI_2001_8_4A_3_387_0>](http://www.bdim.eu/item?id=BUMI_2001_8_4A_3_387_0)

L'utilizzo e la stampa di questo documento digitale è consentito liberamente per motivi di ricerca e studio. Non è consentito l'utilizzo dello stesso per motivi commerciali. Tutte le copie di questo documento devono riportare questo avvertimento.

*Articolo digitalizzato nel quadro del programma
bdim (Biblioteca Digitale Italiana di Matematica)
SIMAI & UMI*

<http://www.bdim.eu/>

Approssimazione deterministica di modelli stocastici di metapopolazione.

FRANCESCA ARRIGONI

In questa tesi, ci siamo occupati della dinamica di alcuni modelli per le cosiddette metapopolazioni: nella maggior parte dei modelli di popolazione, si assume che tutti gli individui vivano nello stesso «habitat» ed interagiscano in modo omogeneo gli uni con gli altri, ma spesso nella realtà l'interazione è più complessa. Per tenere conto di questo aspetto, sono stati proposti modelli in cui la popolazione si presenta strutturata in sottopopolazioni locali, denominate «patches» in letteratura; l'insieme di tali sottopopolazioni viene indicato con il termine metapopolazione, introdotto da Levins nel 1969 (si veda per una panoramica [4]).

Nel modello base di Levins, il numero dei «patches» o siti è molto elevato, i siti si distinguono in vuoti o occupati, senza che vengano incorporate nel modello altre caratteristiche dei singoli siti, non vi è alcuna struttura spaziale e tutti i siti comunicano allo stesso modo. Dal punto di vista matematico, queste ipotesi si traducono in un'equazione differenziale ordinaria per la variabile scalare $P(t)$ che rappresenta la percentuale di siti occupati

$$(1) \quad \frac{dP}{dt} = mP(1 - P) - eP,$$

dove m ed e sono rispettivamente i tassi di colonizzazione e di estinzione. Notiamo che, formalmente, l'equazione precedente è la stessa di un modello di tipo $S - I - S$, se identifichiamo i siti occupati con gli individui infetti e i siti vuoti con i suscettibili.

La generalizzazione di questo modello è avvenuta in due direzioni: da un lato, proponendo modelli di metapopolazione strutturati, in cui i patches si distinguono anche per taglia (questo porta ad ottenere equazioni differenziali alle derivate parziali), dall'altro mantenendo finito il numero di siti (questo porta a trattare modelli di tipo stocastico).

I modelli presi in esame in questa tesi sono di tipo stocastico e prevedono una metapopolazione strutturata, in cui i siti sono caratterizzati dal numero di abitanti al tempo t : l'evoluzione nel tempo viene descritta da un processo di Markov di puro salto M -dimensionale, le cui componenti rappresentano il numero di individui nell' i -esimo sito.

Lo scopo di questo lavoro è di studiare quale relazione intercorre tra modelli di tipo stocastico e modelli di tipo deterministico: in particolare, ci chiediamo se i modelli deterministici, la cui costruzione non sempre risulta chiara nella letteratura, possano essere ottenuti come limite di una famiglia di modelli stocastici, quando il numero totale dei siti tende all'infinito.

Nell'ambito delle metapopolazioni la questione è stata suggerita da H. Metz, il

cui punto di partenza era un modello con M siti, ciascuno con N individui: ogni popolazione locale segue un processo stocastico di nascita, morte, con possibili catastrofi e i siti comunicano attraverso di loro tramite migrazioni. Che cosa succede quando uno od entrambi i parametri M ed N tendono all'infinito?

Questa problematica, in un contesto piu' generale, è stata a lungo studiata, specialmente nei lavori di T. G. Kurtz [3] e A. D. Barbour: per una ampia classe di equazioni differenziali, le soluzioni deterministiche possono essere viste come limite in probabilità di processi di Markov di puro salto. La definizione seguente illustra quale tipo di processi sono coinvolti

DEFINIZIONE A. - Sia $\{J^N(t)\}_{N \in \mathbb{N}}$ una famiglia di catene di Markov a tempo continuo a valori in $S_N = \{0, 1, 2, \dots, N\} \subseteq \mathbb{Z}$ e tassi di transizione $q^N(j, k)$, $j, k \in S_N$. Supponiamo che esistano un insieme aperto $E \subseteq \mathbb{R}$, una famiglia di funzioni continue $\{\beta^N\}: E \times \mathbb{Z} \rightarrow \mathbb{R}$ tali che

$$q^N(k, k+l) = N\beta^N\left(\frac{k}{N}, l\right) \quad l \neq 0, \quad \sum_l l\beta^N(x, l) < \infty \quad \text{per ogni } x \in E.$$

La famiglia di catene di Markov si dice asintoticamente dipendente da densità se esiste una funzione $F: E \rightarrow \mathbb{R}$ tale che, posto $F_N(x) := \sum_l l\beta^N(x, l)$, $\lim_{N \rightarrow +\infty} F_N(x) = F(x)$ in E .

I teoremi all'origine di questa tesi sono quello di Kurtz (nella versione presentata da Pollett in [5])

TEOREMA A. - Supponiamo che F sia lipschitziana su E e che, per ogni N ,

$$\begin{aligned} \sup_{x \in E} \sum_l |l|\beta_N(x, l) &< \infty \\ \lim_{\delta \rightarrow \infty} \sup_{x \in E} \sum_{l: |l| > \delta} |l|\beta_N(x, l) &= 0 \\ \lim_{N \rightarrow \infty} \sup_E |F^N(x) - F(x)| &= 0 \end{aligned}$$

Se $\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{J^N(t)}{N}(0) = x$, allora

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \sup_{[0, T]} \left| \frac{J^N(t)}{N} - Z_x(t) \right| = 0 \quad q.o.$$

ove

$$Z_x(t) = x + \int_0^t F(Z_x(s), s) ds$$

e un teorema analogo per processi a valori in uno spazio infinito dimensionale, dimostrato da Barbour in [1] con metodi di martingale ed applicato a modelli di macro-parassiti, in cui la variabile in esame è la distribuzione degli ospiti rispetto al carico parassitario e quindi è un elemento di l^1 , che può anche essere visto come una processo a valori nello spazio delle misure di probabilità sugli interi.

Nella tesi vengono analizzati due modelli. Il primo è un modello stocastico per

una metapopolazione strutturata, costituita da M siti: la variabile significativa per studiare il comportamento del processo quando il numero dei siti tende all'infinito è $\underline{x} = (x_0, \dots, x_i, \dots)$, ove x_i è la proporzione di siti con i abitanti. Nel modello scelto, \underline{x} è una catena di Markov infinito-dimensionale con transizioni

$$\begin{aligned} \underline{x} &\rightarrow \underline{x} + \frac{1}{M}(\underline{e}_{i+1} - \underline{e}_i) && \text{al tasso } Mx_i b_i i && i \geq 1 \\ \underline{x} &\rightarrow \underline{x} + \frac{1}{M}(\underline{e}_{i-1} - \underline{e}_i) && \text{al tasso } Mx_i(d_i i + \gamma(1 - \varrho) i) && i > 1 \\ \underline{x} &\rightarrow \underline{x} + \frac{1}{M}(\underline{e}_{i+1} - \underline{e}_i) && \text{al tasso } M\varrho\gamma k x_k x_i && i \geq 0, \\ &+ \frac{1}{M}(\underline{e}_{k-1} - \underline{e}_k) && && k \geq 1 \\ \underline{x} &\rightarrow \underline{x} + \frac{1}{M}(\underline{e}_0 - \underline{e}_i) && \text{al tasso } Mx_i \nu && i \geq 2 \\ \underline{x} &\rightarrow \underline{x} + \frac{1}{M}(\underline{e}_0 - \underline{e}_1) && \text{al tasso } Mx_1(\nu + d_1 + (1 - \varrho) \gamma) \end{aligned}$$

ove i parametri sono il tasso di nascita pro capite $b_j > 0, j \geq 1$, il tasso di morte pro capite $d_j > 0, j \geq 1$, il tasso di migrazione γ , la frazione di migranti da un patch che riesce a giungere in un altro patch $0 \leq \varrho \leq 1$ e il tasso di catastrofi ν .

Il risultato ottenuto è il seguente

TEOREMA 1. - Se $\underline{x}^M(0) \Rightarrow \underline{p}^0$ in distribuzione e $\sup \sum j^2 x_j^M(0) < \infty$ q.o., allora $\underline{x}^M \Rightarrow \underline{p}$ in $(\mathcal{D}[0, T])^\infty$ in distribuzione, dove $\underline{p}(t) = (p_0(t), \dots, p_i(t), \dots)$ è l'unica soluzione positiva di un problema di Cauchy deterministico semilineare, con infinite equazioni, che puo' essere scritto in modo compatto come

$$\begin{cases} \underline{p}'(t) = A(b, d, \gamma) \underline{p}(t) + F(\varrho, \gamma, \nu, \underline{p}(t)) \\ \underline{p}(0) = \underline{p}^0. \end{cases}$$

Le tecniche utilizzate sono in parte quelle suggerite da [1]: per superare il problema della non limitatezza a priori della media empirica della distribuzione, si fa ricorso a metodi di coupling con processi di nascita e morte. Per dimostrare, invece, l'esistenza ed unicità della soluzione del sistema deterministico, vengono applicate tecniche di semigruppì per operatori di contrazione sullo spazio di Banach $m^1 = \{x \in l^1 : \sum_j j x_j < \infty\}$.

Il secondo modello è un modello stocastico per un'epidemia di tipo S-I-S in una metapopolazione (si veda [2]): il processo di Markov M dimensionale \underline{Y} , le cui componenti $Y_i(t, \omega)$ rappresentano il numero di infetti per sito, è descritto dalle transizioni

$$\begin{aligned} \underline{Y} &\rightarrow \underline{Y} + \underline{e}_j && \text{al tasso } (N - Y_j) \left(c \frac{Y_j}{N} + \frac{d}{M} \sum_{i=1}^M \frac{Y_i}{N} \right) \\ \underline{Y} &\rightarrow \underline{Y} - \underline{e}_j && \text{al tasso } \gamma Y_j \end{aligned}$$

con c tasso di infezione locale, d tasso di infezione globale e γ tasso di guarigione. Viene proposta una approssimazione deterministica per la misura aleatoria

$$(2) \quad Y^{N,M}(t)(I) := \frac{\sum_{i=1}^M \mathbb{I}_{[\frac{Y_i(t)}{N} \in I]}}{M} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \delta_{\frac{Y_i}{N}}(I)$$

in cui entrambi i parametri di scala M (numero di siti) ed N (numero di individui per sito) tendono all'infinito.

TEOREMA 2. - Se $\lim_{M,N \rightarrow \infty} Y^{N,M}(0) = \mu_0$ debolmente, allora $\lim_{M,N \rightarrow \infty} Y^{N,M}(t) = \mu(t)$, q.o. debolmente, ove $\mu(t)$ è una funzione deterministica a valori nello spazio delle misure di probabilità su $[0, 1]$, che soddisfa all'equazione debole

$$(3) \quad \langle f, \mu(t) \rangle - \langle f, \mu_0 \rangle =$$

$$\int_0^t \langle -\gamma \cdot f'(\cdot) + c(\cdot)(1 - \cdot) f'(\cdot) + E(\mu(s)) d(1 - \cdot) f'(\cdot), \mu(s) \rangle ds$$

per ogni $f \in C^1([0, 1])$, ove $\langle f, \mu \rangle = \int_0^1 f(x) d\mu(x)$ e $E(\mu) = \int_0^1 x d\mu(x)$.

L'esistenza e soluzione dell'equazione (3) viene ottenuta attraverso l'applicazione di un teorema di punto fisso. Infine viene studiato il comportamento asintotico della soluzione deterministica

TEOREMA 3. - Sia $x^* \in (0, 1)$ soluzione di $c(1 - x^*) + d(1 - x^*) - \gamma = 0$ se $c + d > \gamma$, e $x^* = 0$ se $c + d \leq \gamma$. Per $t \rightarrow \infty$, la misura $\mu(t)$ tende debolmente alla misura di Dirac concentrata in x^* .

BIBLIOGRAFIA

- [1] BARBOUR A. D., KAFETZAKI M., *A host-parasite model yielding heterogeneous parasite loads*, J. Math. Biol., **31** (1993), 157-176.
- [2] BALL F., *Stochastic and deterministic models for SIS epidemics among a population partitioned into households*, Math. Biosci., **156** (1999), 41-67.
- [3] KURTZ T. G., *Solutions of ordinary differential equations as limits of pure jump Markov processes*, J. Appl. Probability, **8** (1971), 344-356.
- [4] HANSKI A., GILPIN M. E., *Metapopulation biology. Ecology, Genetics, and Evolution*, Academic Press (1997).
- [5] POLLETT P. K., *On a model for interference between searching insect parasites*, J. Austral. Math. Soc. Ser. B, **32** (1990), 133-150.

Dipartimento di Matematica, Università di Trento

e-mail: arrigoni@science.unitn.it

Dottorato di Matematica (sede amministrativa: Trento) - Ciclo XII

Direttore di ricerca: prof. Andrea Pugliese