

***Ricerca svolta nell'ambito del progetto finalizzato CLIMAGRI  
finanziato dal Ministero delle Politiche Agricole e Forestali  
D.M. 639 e 640/7303/2003 - Pubblicazione n. 24***

**INTRODUZIONE DELLA TEMPERATURA VARIABILE E DELLA MORTALITA' NEI MODELLI DI POPOLAZIONE A RITARDO DISTRIBUITO**

ROBERTA ALILLA, MAURIZIO SEVERINI, SIMONE PESOLILLO

ISTITUTO DI SCIENZE DELL'ATMOSFERA E DEL CLIMA

ISAC-CNR (SEZIONE DI ROMA)

III Giornate di studio:metodi numerici, statistici e informatici nella difesa delle colture agrarie e delle foreste:ricerca e applicazioni

24 - 26 novembre 2004 Firenze

**Riassunto**

Nel presente lavoro si descrive un metodo matematico per introdurre nel modello a ritardo variabile invariante nel tempo (TID) un algoritmo che permette di calcolare l'effetto della temperatura giornaliera (variabile) sulla dinamica di sviluppo di popolazioni peciloterme. Si descrive inoltre l'introduzione nello stesso modello dell'algoritmo di Vansickle per calcolare il contributo della mortalità intrinseca. Con questi due perfezionamenti il modello a ritardo distribuito a temperatura variabile (TVD) si può applicare a molte popolazioni di piante ed animali che si sviluppano in natura.

**INTRODUZIONE**

I modelli a ritardo distribuito (Distributed Delay Model – DDM, Manetsch, 1976), noti anche come modelli a ritardo variabile, si collocano come anello di congiunzione delle due linee in cui la modellistica ecologica si è evoluta nel tempo: la linea dei modelli fenologici e quella dei modelli demografici. I primi simulano la data in cui un evento fenologico si verifica; i secondi simulano la densità della popolazione in funzione del tempo (Severini e Giglioli, 2002). I modelli a ritardo distribuito, invece, simulano la distribuzione degli individui della popolazione che in un dato tempo (modello demografico) si trovano nei diversi stadi del ciclo vitale (modello fenologico). La soluzione del DDM è una distribuzione che simula il processo di sviluppo di ciascun individuo come un evento casuale (sviluppo stocastico). Questo rende il modello particolarmente aderente alla realtà, infatti l'osservazione dimostra, che gli individui di una coorte, ossia un campione di individui di una popolazione nati contemporaneamente, anche a temperatura costante, procedono nello sviluppo distribuendosi nel tempo nei differenti stadi del ciclo vitale.

Il nucleo matematico del modello è un sistema di equazioni differenziali del primo ordine tramite le quali si simula la dinamica di popolazioni peciloterme con struttura di età. Per definizione le popolazioni peciloterme (eteroterme) sono quelle la cui velocità di sviluppo dipende dalla temperatura ambiente e comprendono tutte le specie vegetali e le specie animali inferiori (compresi gli Artropodi) fino agli Anfibi.

**IL MODELLO A TEMPERATURA INVARIANTE (TID)**

Il modello a ritardo distribuito rappresenta il ciclo vitale di una popolazione con uno schema compartimentale in cui ciascun compartimento individua uno stadio (o fenofase) (Fig. 1). La *funzione forzante* (detta anche variabile forzante) che agisce su ciascun stadio è la temperatura  $T(t)$  mentre la *funzione di stato* (variabile di stato) è la densità di popolazione  $N(t)$ . Nel grafico di

(Fig. 1), la  $N_k(t)$  rappresenta la densità di popolazione,  $R_{k-1}(t)$  ed  $R_k(t)$  i flussi di individui che rispettivamente entrano ed escono dallo stadio generico  $k$  (con  $k = 1, 2, \dots, K$ ).

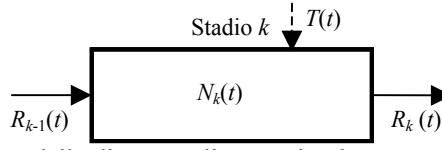


Fig. 1. Modello di uno stadio generico  $k$  senza mortalità.

Il modello matematico, costituito da un sistema ricorsivo di equazioni differenziali (Manetsch, 1976), è:

$$\begin{cases} \frac{dr_1(t)}{dt} = \frac{H}{DEL_k} \cdot [r_0(t) - r_1(t)] \\ \dots \\ \frac{dr_H(t)}{dt} = \frac{H}{DEL_k} \cdot [r_{H-1}(t) - r_H(t)] \end{cases} \quad (1)$$

Nel sistema il parametro  $H$  coincide con il numero di sub-stadi ‘non osservabili’ che gli individui, una volta entrati nello stadio ‘osservabile’  $k$ , devono attraversare per fuoriuscirne distribuiti nel tempo. I flussi indicati con  $r_h(t)$  (con  $h = 1, 2, \dots, H$ ), rappresentano i flussi ‘intermedi’ di individui che entrano ed escono dai sub-stadi, con  $R_{k-1}(t) = r_0(t)$  e  $r_H(t) = R_k(t)$ . Il parametro  $DEL_k$  (Delay), dipendente dallo stadio, si dimostra essere il ritardo medio necessario agli individui per percorrere lo stadio. Manetsch propose due formulazioni del modello: una a temperatura costante (TID), l'altra a temperatura variabile (TVD). La prima è particolarmente adatta a simulare la dinamica di popolazioni in condizioni controllate; essa ammette una soluzione analitica coincidente con la funzione di distribuzione di probabilità di Erlang (2). La seconda è valida invece per la simulazione delle popolazioni naturali, soggette alle variazioni di temperatura erratiche degli ambienti naturali; essa ammette solamente una soluzione numerica. La soluzione analitica del TID è:

$$r_H(t) = \frac{\left[ \frac{H}{DEL_k} \right]^H}{(H-1)!} \cdot e^{-\left[ \frac{H}{DEL_k} \right] t} \cdot t^{H-1} \quad (2)$$

Nel lavoro di Severini e Giglioli (2002) viene presentata un formulazione differente dell'equazione (2) in cui il parametro  $DEL_k$  viene stimato mediante il suo reciproco: la Funzione Tasso  $\Omega[T]$ , misurata in  $[giorni^{-1}]$ . Tale funzione, consente di introdurre il parametro temperatura nel modello TID dove  $T = costante$ , esprimendo una dipendenza lineare

$$\Omega[T] = \frac{1}{DEL[T]} = a(T - T_0) \quad [d^{-1}] \quad (3)$$

dove il parametro  $a [DD^{-1}]$  è il reciproco del cosiddetto ‘Fabbisogno Termico’  $F$  (4) espresso in gradi giorno (degree days,  $DD$ ) e  $T_0$  è lo Zero di Sviluppo della popolazione.

$$a = \frac{1}{F} \quad [DD^{-1}] \quad (4)$$

Nel presente lavoro, svolto nell'ambito del progetto finalizzato CLIMAGRI, si inserisce la Funzione Tasso nel modello a temperatura variabile (TVD) con, quindi,  $T = T(t)$  e si introduce la mortalità intrinseca degli individui come attrito,  $D_k$  (dipendente dallo stadio  $k$ , ma non dal tempo), secondo il perfezionamento del modello operato da Vansickle (1997). Tutto ciò estende notevolmente il campo di applicazione del modello, consentendo di simulare, non solo la dinamica delle popolazioni allevate in esperimenti di laboratorio a temperatura costante, ma anche di quelle che si sviluppano in natura dove sono soggette all'azione dell'ambiente fisico variabile.

## IL MODELLO A TEMPERATURA VARIABILE (TVD) CON MORTALITA'

Nella (Fig. 2) viene rappresentato lo schema del nuovo modello: il Time Varying Delay (TVD) con mortalità.

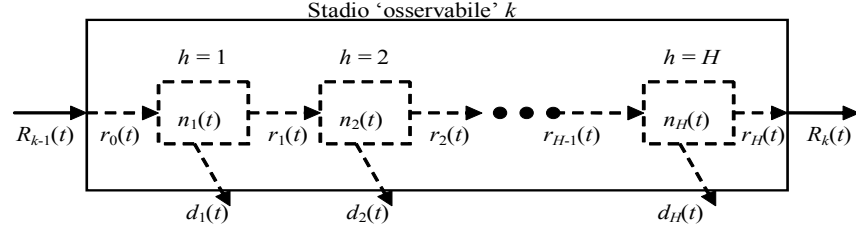


Fig. 2. Rappresentazione grafica del modello TVD con mortalità.

Analogamente al grafico di (Fig. 1) il rettangolo continuo rappresenta lo stadio osservabile \$k\$ del ciclo vitale con i flussi di individui in ingresso ed in uscita \$R\_{k-1}(t)\$ ed \$R\_k(t)\$ dallo stadio. I rettangoli tratteggiati indicano, invece, gli \$h\$ (con \$h = 1, 2, \dots, H\$) sub-stadi 'non osservabili' ed i flussi d'ingresso e d'uscita da cui sono collegati. I flussi indicati con \$d\_h(t)\$ rappresentano la mortalità intrinseca giornaliera, che nel modello TVD con mortalità viene considerata come un attrito (parametro \$D\_k\$) che opera togliendo individui al flusso di coloro che invece passano vivi allo stadio successivo. Il sistema che ne deriva è:

$$\begin{cases} \frac{dn_h(t)}{dt} = r_{h-1}(t) - r_h(t) - d_h(t) \\ r_h(t) = \frac{H}{DEL_k(t)} \cdot n_h(t) \\ d_h(t) = D_k \cdot n_h(t) \end{cases} \quad (5)$$

dove \$n\_h(t)\$ rappresenta il numero di individui che si trovano nel sub-stadio 'non osservabile' \$h\$. Operando le opportune sostituzioni e risolvendo rispetto ai flussi il sistema (5) si ottiene:

$$\frac{dr_h(t)}{dt} = \frac{H}{DEL_k(t)} \cdot \left[ r_{h-1}(t) - r_h(t) \cdot \left( 1 + D_k \frac{DEL_k(t)}{H} + \frac{1}{H} \frac{dDEL_k(t)}{dt} \right) \right] \quad (6)$$

L'introduzione della temperatura variabile nel tempo \$t\$ se da un lato permette di allargare il campo di applicazione del modello a ritardo distribuito dall'altro comporta l'impossibilità di trovare una soluzione analitica dello stesso. L'andamento temporale della temperatura \$T(t)\$ in natura è erratico, ciò comporta che il ritardo istantaneo \$DEL\_k(t)\$ non è esprimibile mediante una funzione analitica nota a priori. Per questo, si procede ad una soluzione della (6) per via numerica. Si discretizza la variabile continua tempo \$t\$ attraverso le relazioni:

$$t_j = t_0 + j \cdot \Delta t$$

con \$t\_0 = 0\$ e \$\Delta t = 1\$ si ha:

$$t_j = j$$

si riscrive la (6) nella nuova variabile discreta \$j\$ sostituendo i differenziali con i rapporti incrementali corrispondenti:

$$\frac{\Delta r_h(j)}{\Delta j} = \frac{H}{DEL_k(j)} \cdot \left\{ r_{h-1}(j) - \left[ 1 + \frac{1}{H} \frac{\Delta DEL_k(j)}{\Delta j} + \frac{D_k \cdot DEL_k(j)}{H} \right] \cdot r_h(j) \right\} \quad (7)$$

considerando  $\Delta j = 1$ , le espressioni delle differenze finite diventano:

$$\Delta DEL_k(j) = DEL_k(j) - DEL_k(j-1) \quad (8)$$

$$\Delta r_k(j) = r_k(j+1) - r_k(j) \quad (9)$$

sostituendo la (8) e la (9) nella (7) si ottiene infine:

$$r_h(j+1) = r_h(j) + \frac{H}{DEL_k(j)} \cdot \left\{ r_{h-1}(j) - \left( 1 + \frac{DEL_k(j) + [D_k - 1] \cdot DEL_k(j-1)}{H} \right) \cdot r_h(j) \right\} \quad (10)$$

La soluzione (10) consente di prevedere quale sarà il flusso di uscita  $r_h(j+1)$  dallo stadio 'non osservabile' nel tempo futuro, in relazione al flusso di individui presenti nel tempo attuale nello stesso stadio (l'ultimo sub-stadio)  $r_h(j)$  ed a quello del sub-stadio precedente  $r_{h-1}(j)$ . La funzione forzante del modello (la temperatura) viene inserita, analogamente al modello TID, calcolando il parametro  $DEL_k(j)$  come reciproco della Funzione Tasso (3), nell'intervallo di temperature in cui assume un andamento lineare.

## CONCLUSIONI

Il modello a ritardo distribuito è uno strumento utile nella simulazione della dinamica di sviluppo delle popolazioni peciloterme. La sua formulazione a temperatura variabile e l'inserimento della mortalità, come precedentemente esposto, consentono un ampliamento del suo campo di applicazione, riuscendo a simulare la dinamica di popolazioni naturali, le quali si trovano ad interagire con l'ambiente fisico e con altre popolazioni. Inoltre, dato che tutti e tre i parametri del modello ( $H$ ,  $DEL$ ,  $D$ ) dipendono da caratteristiche fisiologiche della popolazione (e quindi della specie), esso risulta particolarmente adatto alla previsione dell'impatto del *riscaldamento globale* sulla dinamica delle popolazioni naturali ed in particolare sulla resa delle colture agrarie e sulla loro esposizione agli attacchi di fitofagi parassiti. L'ipotesi di una relazione lineare tra tasso di sviluppo e temperatura, alla base del calcolo di  $DEL_k(j)$  nel modello presentato, non costituisce un limite al campo di applicazione dello stesso, in quanto, nella formulazione numerica (10),  $DEL_k(j)$  può essere calcolato tramite un algoritmo qualunque.

## BIBLIOGRAFIA

Manetsch T. J., 1976. Time-varying distributed delay models and their use in aggregative models of large systems. IEEE Trans. Syst. Man Cybern., 6: 547-553.

Severini M., Giglioli G., 2002. Storia e filosofia dei modelli di simulazione nella difesa delle colture agrarie. In: Associazione Italiana per la Protezione delle Piante, A.I.P.P.: Notiziario sulla protezione delle piante, 15: II Giornate di studio Metodi numerici, statistici e informatici nella difesa delle colture agrarie e delle foreste: ricerca e applicazioni. Lito Polaris. Pisa, 20-23 maggio, 9-29.

Vansickle J., 1977. Attrition in distributed delay models. IEEE Trans. Syst. Man Cybern., 7: 635-638.

**Ricerca svolta nell'ambito del progetto finalizzato CLIMAGRI finanziato dal Ministero delle Politiche Agricole e Forestali D.M. 639 e 640/7303/2003 - Pubblicazione n. 24**