

**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. 25**

**IL MODELLO SIMULATORE DI RITARDO 'DELAY SIMULATOR'
VERSIONE 2.0: UN MODELLO DI SIMULAZIONE SU FOGLIO DI
CALCOLO ELETTRONICO DELLA DEMOGRAFIA E DELLA
FENOLOGIA DELLE POPOLAZIONI NATURALI.**

SIMONE PESOLILLO, MAURIZIO SEVERINI, ROBERTA ALILLA.
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

Il modello a temperatura variabile TVD è un sistema di equazioni che per simulare la dinamica di popolazioni peciloterme in natura deve essere risolto numericamente. Per questo scopo il modello viene implementato in un foglio di calcolo (Microsoft Excel) e porta alla realizzazione di un modello per computer: il Simulatore di Ritardo 'Delay Simulator' DS2.0. Grazie all'introduzione di due nuovi parametri: il tasso di riproduzione B ed il tasso di sopravvivenza (mortalità estrinseca) S , questo simulatore permette di simulare la dinamica delle popolazioni multivoltine.

INTRODUZIONE

Il modello a ritardo variabile (Time Varying Delay, TVD) con mortalità (Manetsch, 1976; Vansickle, 1977) permette di simulare i flussi di maturazione e mortalità intrinseca di una coorte di individui peciloterme (eteroterme) attraverso uno stadio (o fenofase) del ciclo vitale a temperatura variabile mediante tre parametri H (parametro di variabilità), DEL (ritardo medio di sviluppo), D (mortalità intrinseca) (Severini et al., 2003). Generalmente, il periodo immaturo (o giovanile) di una popolazione è costituito da più stadi ($k = 1, 2, \dots, K$) successivi a ciascuno dei quali corrisponde (in generale) una terna di valori dei parametri differente dagli altri (H_k, DEL_k, D_k) (Fig. 1). Al termine del periodo giovanile, K , gli individui acquistano la capacità di riprodursi.

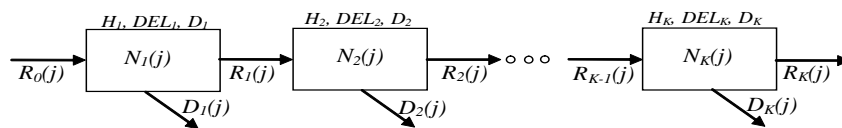


Fig. 1 Modello del periodo immaturo del ciclo vitale costituito da k -stadi osservabili con mortalità.

Nella (Fig. 1) $R_k(j)$ e $D_k(j)$ indicano rispettivamente i flussi di maturazione e di mortalità intrinseca ed $N_k(j)$ il numero d'individui dello stadio k nel giorno $j = 0, 1, 2, \dots, J$. Schematicamente una coorte entra nel primo stadio con un flusso in ingresso di $R_0(j)$ nuovi nati al giorno $j = 0$ e questi, dopo aver soggiornato per un certo tempo in esso, ne escono maturi per entrare nel secondo stadio. Il tempo di soggiorno in questo stadio dipende dai parametri (H_1, DEL_1, D_1) ed a causa della variabilità genetica, è in generale diverso per i diversi individui della coorte. Per questo gli individui della coorte nati contemporaneamente escono dallo stadio in tempi diversi (sviluppo stocastico) anche se si sviluppano a temperatura costante. Il fenomeno si ripete nel passaggio della coorte iniziale attraverso gli stadi successivi, così che i suoi individui escono da ciascuno stadio

distribuiti nel tempo. Il flusso in uscita dallo stadio di adulto, $R_K(j)$, dà il numero degli individui in grado di riprodursi in funzione del tempo ed è possibile calcolarne i valori collegando in serie K modelli TVD, ciascuno dei quali simula lo sviluppo in un particolare stadio del periodo giovanile, caratterizzato dalla propria terna di parametri.

Nel caso delle popolazioni multivoltine, gli adulti si riproducono e danno origine a nuove coorti di individui che entrano nel ciclo vitale. A seconda delle strategie riproduttive caratteristiche della specie, una percentuale degli individui adulti è in grado di riprodursi e dare vita ad una prole più o meno numerosa. Le coorti in ingresso della nuova generazione sono date dalla percentuale di nuovi nati che sopravvivono (per caratteristiche genetiche o alle condizioni ambientali sfavorevoli o alla predazione). L'evento riproduttivo è un meccanismo che assume caratteristiche diverse da specie a specie e risente della complessa combinazione dei fattori biotici e abiotici dell'ambiente in cui si manifesta. Il TVD non permette di simulare l'evento riproduttivo, ma permette di simulare lo sviluppo della coorte che entra nel ciclo riproduttivo. Tuttavia, collegando i diversi cicli vitali di una popolazione multivoltina tramite la simulazione del meccanismo riproduttivo (parametro B) e quello di sopravvivenza (parametro S) si ottiene un nuovo strumento modellistico: il Delay Simulator 2.0 (Fig. 2). La versione 1.0 del DS è stata presentata nelle 'giornate' di Pisa (Severini e Giglioli, 2002); essa rappresenta il punto di partenza, a livello informatico, per la costruzione del DS2.0.

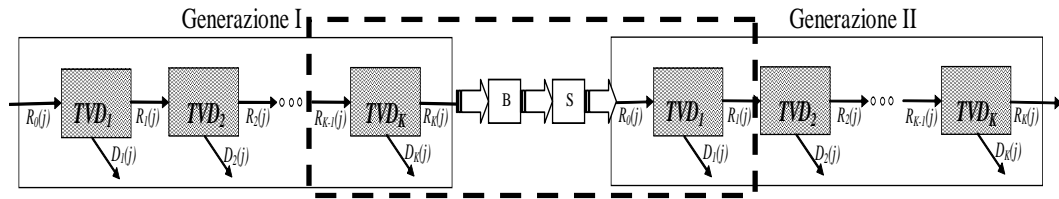


Fig. 2 Struttura del modello DS2.0. Il rettangolo tratteggiato indica la parte simulata dal modello in Fig. 3.

SOLUZIONE NUMERICA DEL TVD CON MORTALITÀ

Il sistema di equazioni che definisce il modello TVD deve essere risolto per via numerica, in quanto il termine $DEL_k(j)$ varia in modo erratico con la temperatura e queste variazioni non sono esprimibili attraverso una funzione analitica nota a priori. La soluzione numerica di questo modello può essere calcolata implementando il suo sistema di equazioni su un foglio di calcolo. Per questo passaggio è necessario adattare il sistema di equazioni alla struttura di base del foglio stesso, struttura che è costituita di righe e di colonne. Il sistema di equazioni seguente rappresenta matematicamente un modello TVD con mortalità (Alilla et al., presente pubblicazione):

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

L'espressione (1) può essere riscritta in modo tale che il flusso in uscita $r_h(j+1)$ dal sub-stadio 'non osservabile' h dello stadio osservabile k nel giorno $j+1$ sia dato dalla somma di due flussi $r_{h-1}(j)$ ed $r_h(j)$ che dipendono rispettivamente dal flusso d'uscita dallo stadio precedente $h-1$ e da quello attuale ne giorno attuale j . Si ottiene:

$$r_h(j+1) = \frac{H_k}{DEL_k(j)} \cdot r_{h-1}(j) + \left(1 - \frac{H_k}{DEL_k(j)} - \frac{DEL_k(j) + [D_k - 1] \cdot DEL_k(j-1)}{H_k} \right) \cdot r_h(j) \quad (2)$$

Raggruppando in due fattori $AA(j)$ e $BB(j)$ tutti i termini dipendenti dai parametri H, D, DEL , si ha:

$$AA(j) = \frac{H_k}{DEL_k(j)} \quad ; \quad BB(j) = 1 - \frac{H_k}{DEL_k(j)} - \frac{DEL_k(j) + [D_k - 1] \cdot DEL_k(j-1)}{H_k} \quad (3)$$

e sostituendo nella (2) i nuovi coefficienti, si ottiene il sistema di equazioni:

$$r_h(j+1) = AA(j) \cdot r_{h-1}(j) + BB(j) \cdot r_h(j) \quad (4)$$

dove con $j = 0, 1, \dots, J$ si rappresenta il tempo in giorni e con $h = 1, 2, \dots, H$ gli stadi non osservabili necessari per la simulazione dello stadio k -esimo. Per risolvere la (4) è necessario conoscere: l'andamento della temperatura giornaliera $[T(t)]$ per tutto il periodo della simulazione, le condizioni iniziali e le condizioni al contorno della funzione di flusso $r_h(0)$ ed $r_0(j)$. Tramite $T(j)$ si calcolano $DEL_k(j)$ e quindi i fattori $AA(j)$ e $BB(j)$ (3), con l'inserimento di $r_h(0)$ e di $r_0(j)$ nella (4) si procede alla soluzione numerica che dà come risultato il vettore:

$$r_H(j) = R_k(j) = [r_H(0), r_H(1), \dots, r_H(J)] \quad (5)$$

La (5) descrive la distribuzione nel tempo dei flussi di individui maturi che escono dallo stadio di sviluppo k .

IMPLEMENTAZIONE SU FOGLIO DI CALCOLO DEL DS2.0

Per velocizzare le operazioni di risoluzione del TVD viene implementato il foglio di calcolo come rappresentato in (Fig. 3).

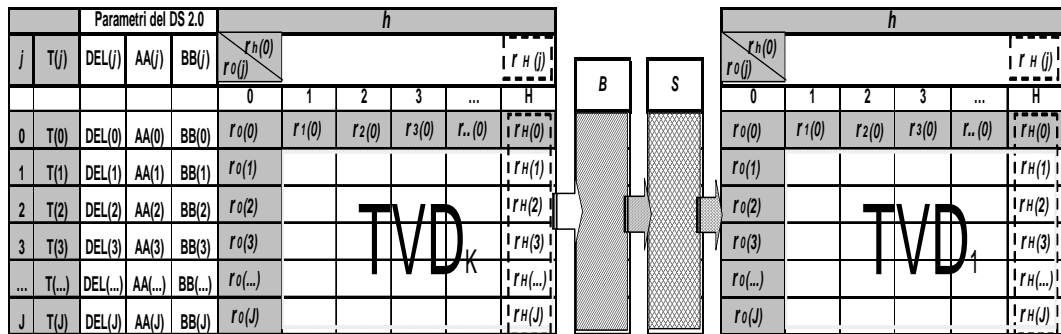


Fig. 3. Struttura del DS2.0 su foglio di calcolo (particolare del rettangolo tratteggiato in Fig. 2).

Le colonne e le righe contrassegnate in grigio rappresentano gli ingressi del modello, tramite i quali sono eseguiti i calcoli (colonne in bianco) e che portano alla soluzione, $r_h(j)$, colonna evidenziata con il tratteggio. L'inserimento nella seconda colonna dell'andamento della temperatura giornaliera, permette di calcolare $DEL(j)$ e successivamente tramite i parametri H e D , i fattori definiti nella (3): $AA(j)$ e $BB(j)$. L'inizializzazione del modello si effettua inserendo il vettore colonna $r_0(j)$ ed il vettore riga $r_h(0)$ (entrambi in grigio); essi rappresentano rispettivamente le condizioni al contorno (cioè l'insieme di coorti in ingresso nei giorni successivi) e le condizioni iniziali del modello (cioè le coorti in ingresso nel giorno iniziale). Nell'area contrassegnata dalla scritta 'TVD_K', il foglio di calcolo viene programmato con il sistema di equazioni (4), che sono collegate ai parametri precedentemente inseriti o calcolati. La colonna tratteggiata indica la distribuzione nel tempo dei flussi di sviluppo degli individui che escono dallo stadio K (adulti).

Per rappresentare l'andamento demografico di una popolazione naturale multivoltina, il DS2.0 è in grado di simulare lo sviluppo di una nuova generazione di individui partendo dagli individui adulti della generazione precedente. Nella colonna contrassegnata dalla lettera 'B' viene inserito l'algoritmo matematico che sintetizza il meccanismo riproduttivo della specie presa in esame; esso permette di calcolare il numero di nuovi nati per giorno partendo dal numero di individui adulti (colonna precedente). Il parametro S è un fattore moltiplicativo che incide sulla sopravvivenza dei nuovi nati in relazione alle condizioni ambientali (più o meno favorevoli) in cui essi vivono e viene inserito nella colonna di calcolo successiva a quella della riproduzione. Il vettore dei nuovi nati sopravvissuti viene riportato nella colonna in grigio successiva; essa rappresenta le condizioni al contorno del sistema di equazioni 'TVD₁' e di conseguenza della nuova generazione. L'organizzazione del foglio di calcolo così descritta può essere ripetuta tante volte quante sono le generazioni che si vogliono simulare.

CONCLUSIONI

L'introduzione dei due parametri B ed S e l'utilizzo del foglio di calcolo ha reso il DS2.0 molto duttile. È infatti stato utilizzato sia per la simulazione dell'andamento demografico stagionale dei Copepodi del lago di Fogliano (Sabaudia, Latina) in relazione al ciclo annuale della vegetazione lacustre (attività svolta nell'ambito del progetto finalizzato CLIMAGRI), sia per la simulazione delle fenofasi della vite e del suo parassita: la *Lobesia botrana* (tignoletta della vite). Nel primo caso sono stati collegati in serie diciotto TVD tramite i nuovi parametri ottenendo sia l'andamento separato delle diciotto generazioni dei Copepodi nella stagione favorevole, sia quello cumulato delle generazioni sovrapposte (Pesolillo, 2003). Nel secondo caso sono stati messi a confronto i tempi di maturazione della vite nelle sue quattro fenofasi (germogliamento, fioritura, invaiatura e maturazione) con i flussi di sviluppo della *L. botrana* (uova, larve, crisalide e adulti). Ciò dimostra la possibilità di programmare il foglio di calcolo in modo da poter ottenere diversi tipi di simulazioni e di rappresentazioni grafiche adeguate alle esigenze dell'utente finale.

BIBLIOGRAFIA

Allila R., Severini M., Pesolillo S., 2004. Introduzione della temperatura variabile e della mortalità nei modelli di popolazione a ritardo distribuito. Presente pubblicazione.

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.

Pesolillo S., 2003. Il 'Delay Simulator': modello dinamico di simulazione della densità di popolazione. Applicazione allo studio della stagionalità e della distribuzione spaziale dei Copepodi nel lago di Fogliano. Tesi sperimentale. Università degli studi della Tuscia Viterbo. A.A. 2002-03.

Severini M., Giglioli G., 2002. Simulazione delle catture di *Cydia Funebrana* (Treitschke) mediante il modello per computer 'Delay Simulator': risultati preliminari. 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, 285-292.

Severini M., J. Baumgärtner and L. Limonta, 2003. Parameter estimation for the distribution delay based population models from laboratory data: egg hatching of *Oulema duftschmidii* Redthenbacher (*Coleoptera Chrysomelidae*) as an example. Ecological Modelling 167, 233-246.

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. 25