

La comunicazione dei dati  
oooooooo

L'indice  $R_t$   
oooooooooooo

Modelli alternativi e Mortalità in eccesso  
oooo

# Audizione - 6 Marzo 2025

Antonello Maruotti

Dipartimento di Giurisprudenza, Economia, Politica e Lingue Moderne.  
Libera Università Maria Ss Assunta, Via Pompeo Magno 22 - 00192 Roma  
[a.maruotti@lumsa.it](mailto:a.maruotti@lumsa.it)

La comunicazione dei dati  
oooooooo

L'indice  $R_t$   
oooooooooooo

Modelli alternativi e Mortalità in eccesso  
oooo

# Spunti di riflessione

La comunicazione dei dati

L'indice  $R_t$

Modelli alternativi e Mortalità in eccesso

Un esempio: il numero di contagi

TG1 delle ore 20 - 09/02/2021

**“Sale il numero delle persone che hanno contratto il virus”**

## Un esempio: il numero di contagi

TG1 delle ore 20 - 09/02/2021

**“Sale il numero delle persone che hanno contratto il virus”**

- Nuovi positivi al 09/02  $\Rightarrow$  10630
  - Nuovi positivi al 08/02  $\Rightarrow$  7970
  - Aumento  $\Rightarrow +2660 \rightarrow +33\%$

## Un esempio: il numero di contagi

TG1 delle ore 20 - 09/02/2021

**“Sale il numero delle persone che hanno contratto il virus”**

- Nuovi positivi al 09/02  $\Rightarrow$  10630
  - Nuovi positivi al 08/02  $\Rightarrow$  7970
  - Aumento  $\Rightarrow +2660 \rightarrow +33\%$

Eppure:

Un esempio: il numero di contagi

TG1 delle ore 20 - 09/02/2021

**“Sale il numero delle persone che hanno contratto il virus”**

- Nuovi positivi al 09/02  $\Rightarrow$  10630
  - Nuovi positivi al 08/02  $\Rightarrow$  7970
  - Aumento  $\Rightarrow +2660 \rightarrow +33\%$

Eppure:

- Tamponi al 09/02  $\Rightarrow$  274263
  - Tamponi al 08/02  $\Rightarrow$  144270
  - Aumento  $\Rightarrow +12993 \rightarrow +90\%$

Un esempio: il numero di contagi

TG1 delle ore 20 - 09/02/2021

**“Sale il numero delle persone che hanno contratto il virus”**

- Nuovi positivi al 09/02  $\Rightarrow$  10630
  - Nuovi positivi al 08/02  $\Rightarrow$  7970
  - Aumento  $\Rightarrow +2660 \rightarrow +33\%$

Eppure:

- Tamponi al 09/02  $\Rightarrow$  274263
  - Tamponi al 08/02  $\Rightarrow$  144270
  - Aumento  $\Rightarrow +12993 \rightarrow +90\%$

“...calo del tasso di positività...”

- Tasso di positività lordo al 09/02 ⇒ 3.9%

Un esempio: il numero di contagi

TG1 delle ore 20 - 09/02/2021

**“Sale il numero delle persone che hanno contratto il virus”**

- Nuovi positivi al 09/02  $\Rightarrow$  10630
  - Nuovi positivi al 08/02  $\Rightarrow$  7970
  - Aumento  $\Rightarrow +2660 \rightarrow +33\%$

Eppure:

- Tamponi al 09/02  $\Rightarrow$  274263
  - Tamponi al 08/02  $\Rightarrow$  144270
  - Aumento  $\Rightarrow +12993 \rightarrow +90\%$

“...calo del tasso di positività...”

- Tasso di positività lordo al 09/02  $\Rightarrow$  3.9%
  - Tasso di positività lordo al 08/02  $\Rightarrow$  5.5%

## I limiti del tasso di positività lordo

- Tasso di positività “lordo”

**nuovi positivi**

- Tasso di positività “netto” su molecolari

nuovi positivi  
tamponi di test molecolari

- Tasso di positività “netto” su antigenici

nuovi positivi  
tamponi di antigenici

## I tassi di positività netti

- Tasso di positività “netto” su molecolari al 08/02

$$7747/54895 = 14\%$$

- Tasso di positività “netto” su molecolari al 09/02

$$9147/82716 = 11\%$$

- Tasso di positività “netto” su antigenici al 08/02

$$222/68162 = 0.32\%$$

- Tasso di positività “netto” su antigenici al 09/02

$$1467/147677 = 0.99\%$$

## Un esempio: le varianti

## Seconda indagine sulla prevalenza delle varianti del virus

- Prevalenza della variante VOC202012/01 (lineage B.1.1.7)
    - 93.3%

## Un esempio: le varianti

Se seconda indagine sulla prevalenza delle varianti del virus

- Prevalenza della variante VOC202012/01 (lineage B.1.1.7)
    - 93.3% ⇒ Molise
    - 75.0%

## Un esempio: le varianti

## Seconda indagine sulla prevalenza delle varianti del virus

- Prevalenza della variante VOC202012/01 (lineage B.1.1.7)
    - 93.3% ⇒ Molise
    - 75.0% ⇒ Sardegna
    - 0.0%

## Un esempio: le varianti

## Seconda indagine sulla prevalenza delle varianti del virus

- Prevalenza della variante VOC202012/01 (lineage B.1.1.7)
    - 93.3% ⇒ Molise
    - 75.0% ⇒ Sardegna
    - 0.0% ⇒ Valle d'Aosta

## Un esempio: le varianti

Seconda indagine sulla prevalenza delle varianti del virus

- Prevalenza della variante VOC202012/01 (lineage B.1.1.7)
    - 93.3% ⇒ Molise
    - 75.0% ⇒ Sardegna
    - 0.0% ⇒ Valle d'Aosta
  - Quanti campioni sequenziati?
    - 15 ⇒ Molise
    - 12 ⇒ Sardegna
    - 1 ⇒ Valle d'Aosta

## Un esempio: le varianti

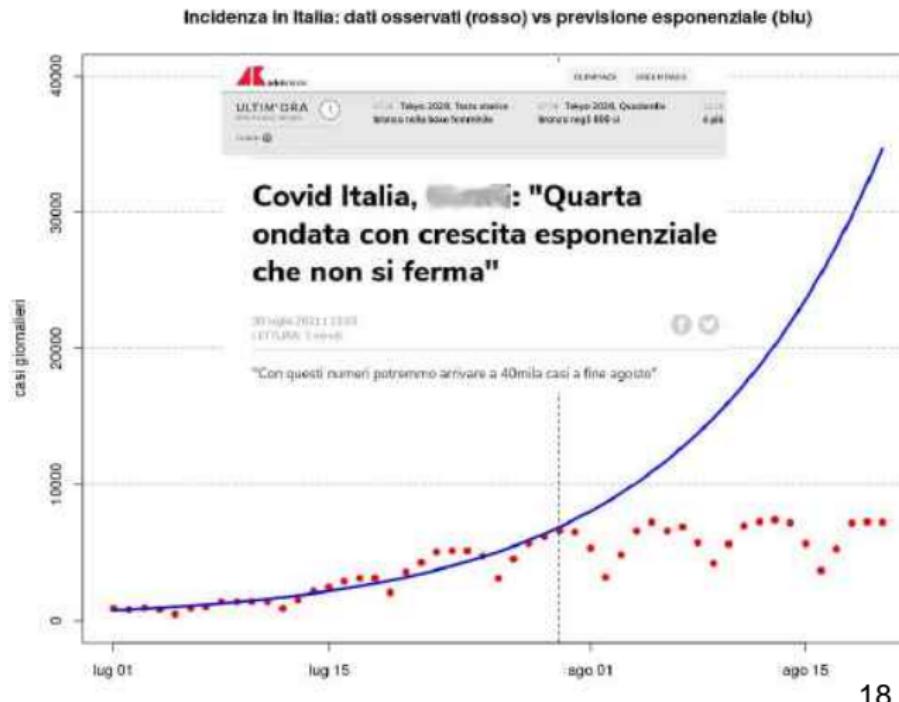
## Seconda indagine sulla prevalenza delle varianti del virus

- Prevalenza della variante VOC202012/01 (lineage B.1.1.7)
    - 93.3% ⇒ Molise
    - 75.0% ⇒ Sardegna
    - 0.0% ⇒ Valle d'Aosta
  - Quanti campioni sequenziati?
    - 15 ⇒ Molise
    - 12 ⇒ Sardegna
    - 1 ⇒ Valle d'Aosta
  - Prevalenza della variante P1 - "chiara espansione geografica"
    - 36.2% ⇒ Umbria
    - 23.8% ⇒ Toscana
    - 13.2% ⇒ Lazio
    - 0.0% ⇒ Abruzzo
  - Quanti campioni sequenziati?
    - 47 ⇒ Umbria
    - 80 ⇒ Toscana
    - 144 ⇒ Lazio; 61 ⇒ Abruzzo

## I limiti dell'analisi

- Il campione richiesto è stato scelto dalle Regioni/PPAA in maniera casuale fra i campioni positivi garantendo una **certa** rappresentatività geografica e **se possibile** per fasce di età diverse.
  - Il metodo di campionamento potrebbe essere disomogeneo tra le varie Regioni/PPAA.
  - Per alcune regioni, essendo bassa la numerosità della popolazione, il numero di sequenze è esiguo, per cui la presenza di varianti virali circolanti potrebbe non essere individuata.
  - Non sono al momento disponibili dati relativi alle fasce di età dei casi selezionati per la survey, alla possibile appartenenza a focolai, e alla geo-localizzazione (potenzialmente utili per valutare con maggiore accuratezza la rappresentatività geografica)

# Previsioni inaffidabili spaventano le persone



# Il sistema di indicatori

**Come funziona l'analisi del rischio epidemico delle Regioni**

**ANALISI DEL RISCHIO DI EPIDEMIA NON CONTROLLATA E NON GESTIBILE**

21 indicatori → 16 non opzionali (compilati)

**VERIFICA DI QUALITÀ DEL DATO (4 INDICATORI)**

The diagram illustrates the process flow: 21 indicators lead to 16 mandatory ones. These are then grouped into four categories for quality verification: PROBABILITÀ DI DIFFUSIONE, IMPATTO, and RESILIENZA TERRITORIALE. Finally, the results are used for VALUTAZIONE.

PROBABILITÀ DI DIFFUSIONE	IMPAATO	RESILIENZA TERRITORIALE
<ul style="list-style-type: none"><li>Aumento dei casi rispetto alla settimana precedente (2 indicatori da due flussi Md5 - DG PREV e ISS)</li><li><math>R_t &gt; 1</math> sulla data di inizio sintomi (1 indicatore)</li><li>Aumento dei focolai rispetto alla settimana precedente (1 indicatore flusso settimanale con Regioni/PA):<ul style="list-style-type: none"><li>analisi della dimensione dei focolai</li><li>valutazione di qualità del contact tracing: Numero di nuovi casi non associati a catene di trasmissione note (1 indicatore)</li></ul></li><li>Criterio di Autovalutazione</li></ul> <p><b>5 indicatori di cui 4 principali (almeno 2 segnali)</b></p>	<ul style="list-style-type: none"><li>Criterio 1: Aumento di casi in soggetti &gt;50a</li><li>% occupazione dei posti letto in area medica (1 indicatore – dati Md5 DG PROG)</li><li>% occupazione dei posti letto in terapia intensiva (1 indicatore – dati Md5 DG PROG)</li><li>Criterio qualitativo: focolai popolazioni vulnerabili (dati delle Regioni/PA ed epidemic intelligence)</li></ul> <p><b>2 indicatori + 2 criteri</b></p>	<ul style="list-style-type: none"><li>Aumento della % di positività al tampone e monitoraggio % casi diagnosticati in ospedale ed in altri contesti (1 indicatore)</li><li>Tempi brevi tra data inizio sintomi e diagnosi (1 indicatore)</li><li>Numeri sufficienti di risorse umane (2 indicatori valutati insieme)</li><li>Capacità di effettuare per tutti i nuovi casi una regolare indagine epidemiologica con ricerca dei contatti stretti (1 indicatore)</li><li>Criterio aggiuntivo: Eventuali segnali di criticità aggiuntive riportate dalle Regioni vengono analizzati e considerati secondo un criterio di precauzione</li></ul> <p><b>4 indicatori + 1 criterio aggiuntivo (almeno 2 segnali)</b></p>

**VALUTAZIONE**

[www.iss.it](http://www.iss.it)

# Il modello di riferimento per la stima di $R_t$

JOURNAL ARTICLE

## A New Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics

FREE

Anne Cori , Neil M. Ferguson, Christophe Fraser, Simon Cauchemez Author Notes

*American Journal of Epidemiology*, Volume 178, Issue 9, 1 November 2013, Pages 1505–1512, <https://doi.org/10.1093/aje/kwt133>

Published: 15 September 2013 Article history ▾

 PDF  Split View  Cite  Permissions  Share ▾

### Abstract

The quantification of transmissibility during epidemics is essential to designing and adjusting public health responses. Transmissibility can be measured by the reproduction number  $R$ , the average number of secondary cases caused by an infected individual. Several methods have been proposed to estimate  $R$  over the course of an epidemic; however, they are usually difficult to implement for people without a strong background in statistical modeling. Here, we present a ready-to-use tool for estimating  $R$  from incidence time series, which is implemented in popular software including Microsoft Excel (Microsoft Corporation, Redmond, Washington). This tool produces novel, statistically robust analytical estimates of  $R$  and incorporates uncertainty in the distribution of the serial interval (the time between the onset of symptoms in a primary case and the onset of symptoms in secondary cases). We applied the method to 5 historical outbreaks; the resulting estimates of  $R$  are consistent with those presented in the literature. This tool should help epidemiologists quantify temporal changes in the transmission intensity of future epidemics by using surveillance data.

20

# Il modello di riferimento per la stima di $R_t$

A new framework and software to estimate time-varying reproduction numbers during epidemics:  
web material

---

## Contents

Web Appendix 1.	Estimation of the instantaneous reproduction number .....	2
Web Appendix 2.	Choice of time window .....	3
Web Appendix 3.	When can we start estimating $R$ ? .....	4
Web Appendix 4.	Uncertainty in the infectiousness profile.....	4
Web Appendix 5.	Estimation of the case reproduction number.....	5
Web Appendix 6.	Simulation study .....	5
Web Appendix 7.	Influence of incubation period distribution .....	8
Web Appendix 8.	Influence of underreporting.....	10
Web Appendix 9.	Using symptoms onset and serial interval leads to exact estimates for diseases where infectiousness follows symptoms onset .....	12
Web Appendix 10.	Influence of the prior on the mean and variance of the serial interval distribution 14	
Web Appendix 11.	Discretization of serial interval distributions.....	15
Web Appendix 12.	Influence of the shape of the serial interval distribution .....	17
Web Appendix 13.	Derivation of the serial interval distribution for Measles and Smallpox .....	18

# L'algoritmo per la stima di $R_t$

## Package ‘EpiEstim’

January 20, 2025

**Version** 2.2-4

**Title** Estimate Time Varying Reproduction Numbers from Epidemic Curves

**Maintainer** Anne Cori <a.cori@imperial.ac.uk>

**Description** Tools to quantify transmissibility throughout

an epidemic from the analysis of time series of incidence as described in  
Cori et al. (2013) <doi:10.1093/aje/kwt133> and Wallinga and Teunis (2004)  
<doi:10.1093/aje/kwh255>.

**URL** <https://github.com/mrc-ide/EpiEstim>

**BugReports** <https://github.com/mrc-ide/EpiEstim/issues>

**Depends** R (>= 2.10)

**Imports** coarseDataTools (>= 0.6-4), stats, graphics, reshape2,  
ggplot2, gridExtra, fitdistrplus, coda, incidence (>= 1.7.0),  
scales, grDevices

**Suggests** testthat, utils, vdiffr, covr, knitr, rmarkdown

**License** GPL (>= 2)

**LazyLoad** yes

**Encoding** UTF-8

**RoxygenNote** 7.0.2

**VignetteBuilder** knitr

**NeedsCompilation** no

**Author** Anne Cori [aut, cre] (<<https://orcid.org/0000-0002-8443-9162>>),  
Simon Cauchemez [ctb],  
Neil M. Ferguson [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0002-1154-8093>>),  
Christophe Fraser [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0003-2399-9657>>),  
Elisabeth Dahlgwist [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0001-5797-6803>>),  
P. Alex Demarsh [ctb],  
Thibaut Jombart [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0003-2226-8692>>),  
Zhian N. Kamvar [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0003-1458-7108>>),  
Justin Lessler [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0002-9741-8109>>),  
Shikun Li [ctb],  
Jonathan A. Polonsky [ctb] (<<https://orcid.org/0000-0002-8634-4255>>),

## Capire il significato di $R_t$

**Continua a scendere l'indice di contagiosità in Italia. Ma è la Basilicata con il dato più alto**

■ 28 Novembre 2020 ■ nessun commento ■ 814 ■ Dall'Italia, Dalla Basilicata ■ basilicata, coronavirus, covid, co

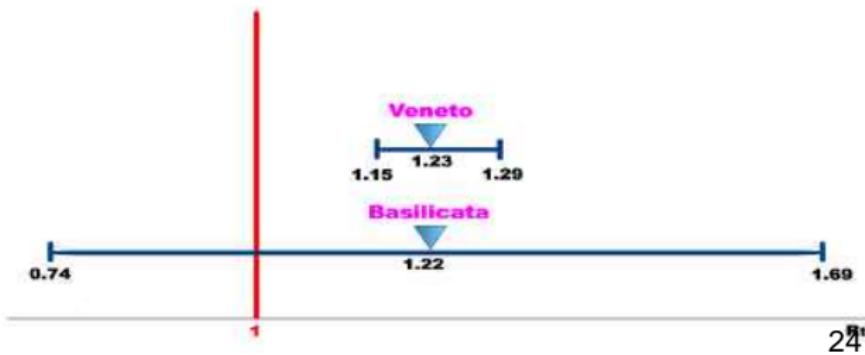
**Covid, il Veneto è giallo per la terza settimana. «Ma ha il peggior Rt dopo la Basilicata»**

## Capire il significato di $R_t$

**Continua a scendere l'indice di contagiosità in Italia. Ma è la Basilicata con il dato più alto**

 23 Novembre 2020  nessun commento  814  dall'Italia, Dalla Basilicata  basilicata , coronavirus , covid ,

**Covid, il Veneto è giallo per la terza settimana. «Ma ha il peggior Rt dopo la Basilicata»**



## Problemi nella stima di $R_t$

### La finestra temporale definita per stimare $R_t$

- "Quando l'intervallo di aggregazione dei dati è piccolo (ad esempio, dati giornalieri), le stime di  $R_t$  possono variare considerevolmente in brevi periodi di tempo, producendo una sostanziale autocorrelazione negativa."
- Valori piccoli permettono una rilevazione più rapida dei cambiamenti nella trasmissione, ma introducono anche un maggiore rumore statistico; valori grandi portano a una maggiore uniformità nelle stime e a una riduzione del rumore statistico.

## Problemi nella stima di $R_t$

### Le distribuzioni assunte per modellare il numero di nuovi casi

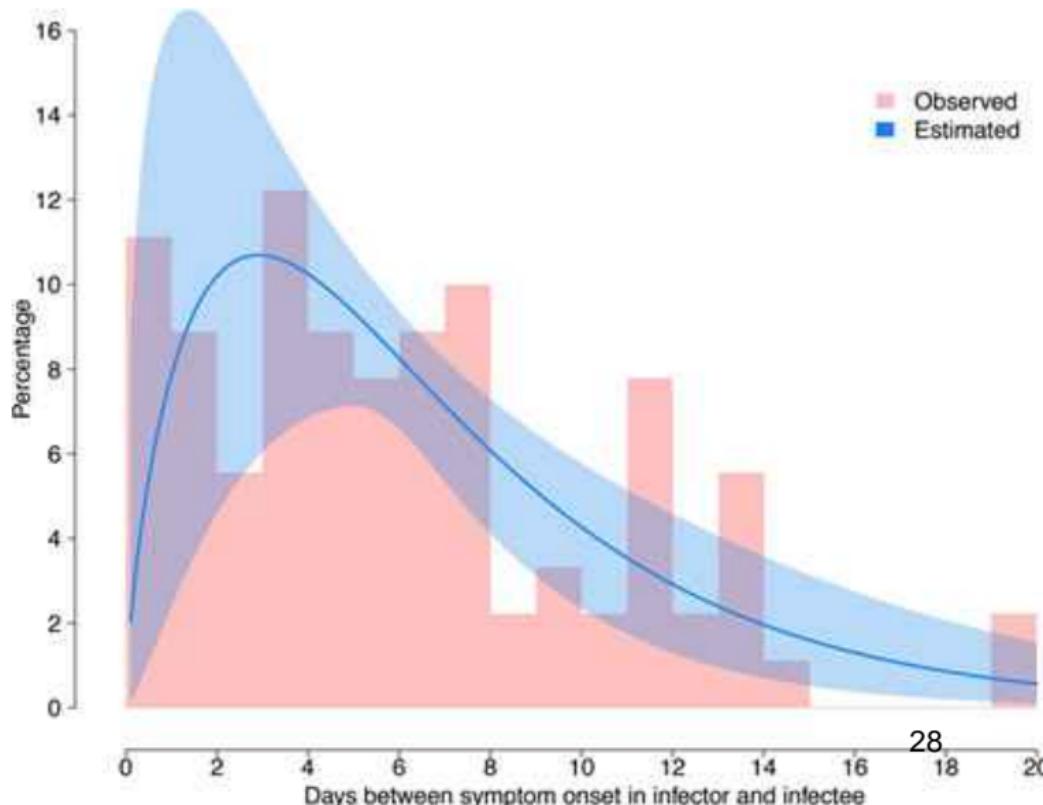
- La distribuzione della contagiosità nel tempo dopo l'infezione è indipendente dal tempo di calendario e segue un processo di Poisson.
- È noto che le stime basate su Poisson risultano distorte se nei dati si manifesta un'eccessiva dispersione.

# Problemi nella stima di $R_t$

## Il tempo di generazione

- "Le stime del numero di riproduzione dipendono fortemente dalla scelta del profilo di contagiosità."
- Questo può essere approssimato dalla distribuzione del tempo di generazione (ovvero il tempo che intercorre tra l'infezione di un caso primario e l'infezione dei casi che genera).
- Tuttavia, i tempi di infezione sono raramente osservati e la distribuzione del tempo di generazione è quindi difficile da misurare.
- D'altro canto, il tempo di insorgenza dei sintomi è solitamente noto, e tali dati, raccolti in ambienti chiusi dove la trasmissione può essere determinata con affidabilità (ad esempio, nelle famiglie), possono essere utilizzati per stimare la distribuzione dell'intervallo seriale (tempo tra l'insorgenza dei sintomi di un caso e l'insorgenza dei sintomi nei suoi casi secondari)."

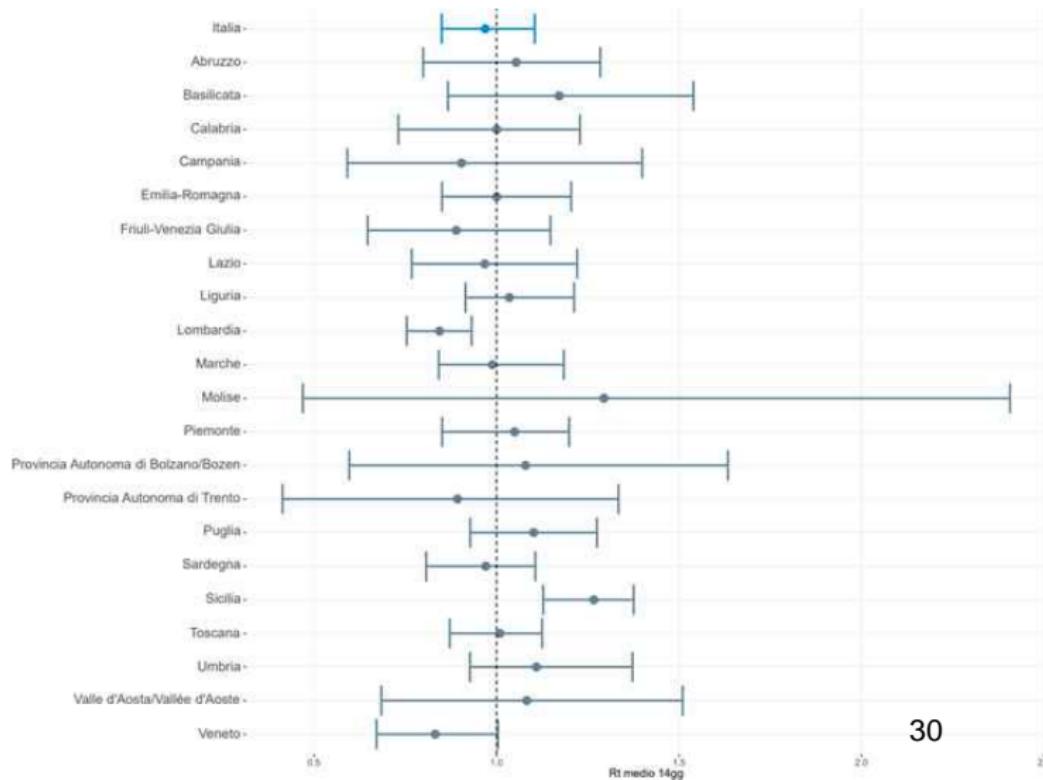
## L'intervallo seriale



## L'intervallo seriale

- Si basa su 90 coppie di casi in Lombardia nel mese di febbraio, in cui gli autori hanno identificato una relazione infettante-infettato e hanno registrato le date di insorgenza dei sintomi di entrambi i casi.
- Questa stima viene data per scontata per tutte le altre regioni italiane, assumendo lo stesso intervallo seriale per tutte le regioni senza mai aggiornarlo.
- Un'ipotesi cruciale per il modello adottato è mal stimata, applicata erroneamente a contesti molto eterogenei e mai verificata nuovamente dopo la fase iniziale del primo focolaio.
- Questo ci lascia perplessi, poiché il modello di Cori et al. accetta qualsiasi distribuzione discreta parametrica o empirica con supporto su valori positivi per approssimare l'intervallo seriale e il tempo di generazione, e non solo valori stimati da una distribuzione Gamma.
- Gostic et al. illustrano le conseguenze di una specificazione errata della forma e della varianza nella distribuzione dell'intervallo seriale.

# Incertezza



## Usare $R_t$ , ma con attenzione: il sito ISS

[https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/open-data/rt\\_diapo.pdf](https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/open-data/rt_diapo.pdf)

Da infezione a insorgenza sintomi

- Problemi:
- Il giorno in cui si infettano i casi non è noto
  - Il tempo di generazione non è noto

- Soluzioni:
- Si puo' approssimare il tempo di generazione con l'intervallo seriale (la distribuzione che passa tra l'insorgenza dei sintomi in un caso indice e l'insorgenza dei sintomi nei suoi casi secondari)
  - Si applica l'equazione di prima alla serie temporale dei casi per data di insorgenza dei sintomi

# Usare $R_t$ , ma con attenzione: il sito ISS

[https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/open-data/rt\\_diapo.pdf](https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/open-data/rt_diapo.pdf)

## Cambi di strategia di testing

- Problemi:
- La stima di  $R_t$  è sensibile a cambiamenti delle strategie di testing

- Soluzione:
- Si applica l'equazione di prima alla serie temporale dei casi ospedalizzati (campione più piccolo ma criteri di ospedalizzazioni più stabili, almeno a livello di singola regione)
  - Ritardo ulteriore nelle stime di  $R_t$

# Usare $R_t$ , ma con attenzione: il sito ISS

[https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/open-data/rt\\_diapo.pdf](https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/open-data/rt_diapo.pdf)

Stime di  $R_t$  in tempo reale Impossibile, a meno di

1. "forzare" i dati con tecniche di "data imputation"
2. velocizzare enormemente il processo di raccolta ed informatizzazione dei dati. Sotto un certo limite, tempo da sintomi a prima visita, non si può scendere.
3. intendersi sul significato delle stime
4. Saggio non fornire stime per gli ultimi 10 – 15 giorni

Stime di  $R_t$  a bassa incidenza Quando l'incidenza è bassa, piccole variazioni nel numero di casi possono risultare in rilevanti variazioni di  $R_t$  e grande incertezza statistica

## Modello logistico generalizzato

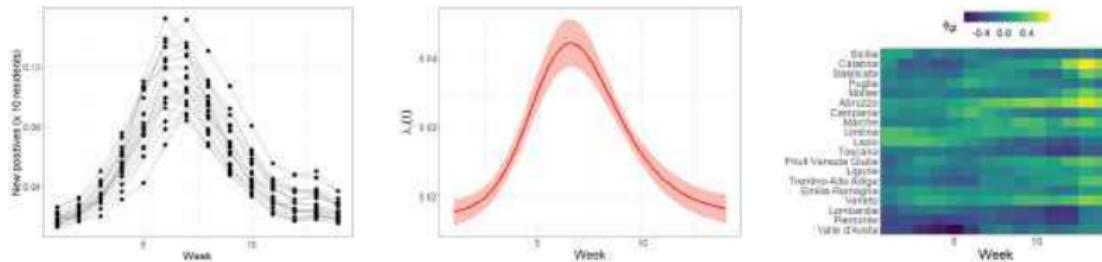
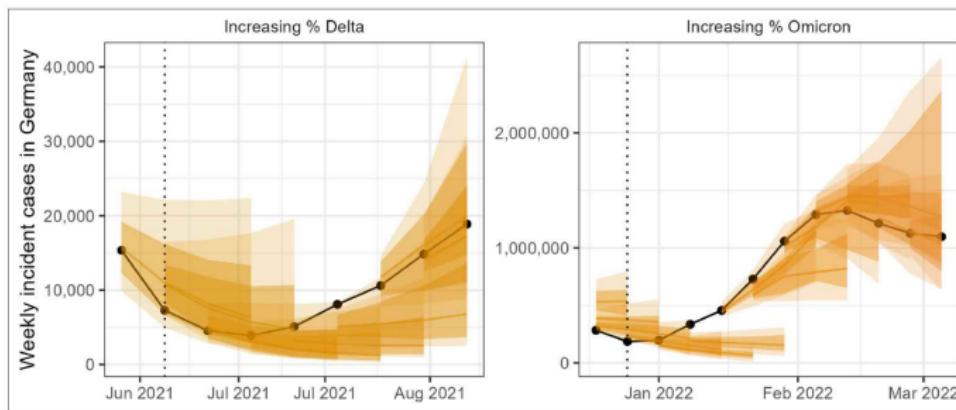


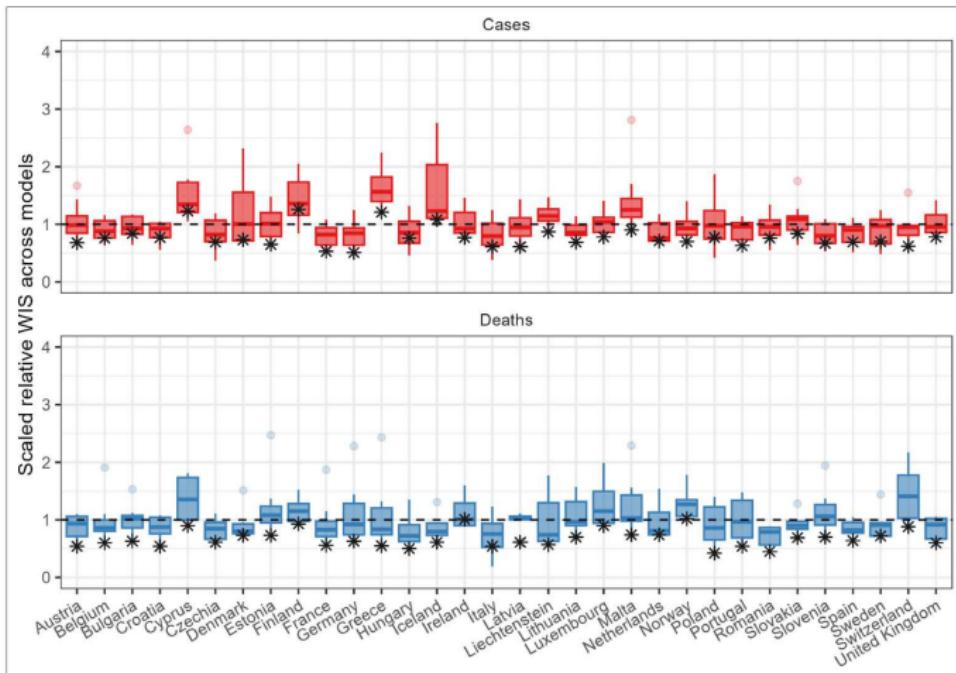
Figure: (a) Serie storiche del numero di casi a livello regionale durante l'ondata di Omicron; (b) Stima del trend nazionale; (c) Stima degli effetti spazio-temporali.

# Ensemble



**Figure 2.** Ensemble forecasts of weekly incident cases in Germany over periods of increasing SARS-CoV-2 variants Delta (B.1.617.2, left) and Omicron (B.1.1.529, right). Black indicates observed data. Coloured ribbons represent each weekly forecast of 1–4 weeks ahead (showing median, 50%, and 90% probability). For each variant, forecasts are shown over an x-axis bounded by the earliest dates at which 5% and 99% of sequenced cases were identified as the respective variant of concern, while vertical dotted lines indicate the approximate date that the variant reached dominance (>50% sequenced cases).

# Ensemble



**Figure 4.** Performance of short-term forecasts across models and median ensemble (asterisk), by country, forecasting cases (top) and deaths (bottom) for 2-week ahead forecasts, according to the relative weighted interval score. Boxplots show interquartile ranges, with outliers as faded points, and the ensemble model performance is marked by an asterisk. y-axis is cut-off to an upper bound of 4 for readability.

# Mortalità in eccesso - 2020

	Part a	ISTAT-ISS REPORT	Model 1	Model 2	Model 3
North Italy; 0-49 years	-552	-149 (-679; 348)	-551 (-564, -539)	195 (-152, 497)	
North Italy; 50-64 years	3164	3263 (2610; 3882)	3157 (3072, 3252)	4030 (3161, 4789)	
North Italy; 65-79 years	15,004	17447 (15,519; 19,275)	14920 (14,231, 15,653)	21051 (18355, 23,322)	
North Italy; 80+ years	56,681	51,684 (42,501; 60,472)	56,722 (54,362, 59,198)	59,189 (51,678, 65,606)	
Entire North Italy	74,296	72,695 (63,722; 81,224)	74,241 (71,273, 77,345)	84,507 (73,298, 94,050)	
Central Italy; 0-49 years	-431	-64 (-371; 216)	-432 (-451, -411)	78 (-102, 232)	
Central Italy; 50-64 years	392	369 (-16; 728)	389 (381, 402)	796 (375, 1168)	
Central Italy; 65-79 years	1375	2526 (1513; 3478)	1381 (1339, 1411)	3564 (2408, 4556)	
Central Italy; 80+ years	8566	7743 (3789; 11471)	8574 (8272, 8888)	9304 (6148, 12,059)	
Entire Central Italy	9903	10,769 (6480; 14786)	9907 (9588, 10,245)	13,727 (9017, 17,852)	
South Italy and islands; 0-49 years	-671	-16 (-468; 411)	-673 (-684, -655)	201 (-112, 476)	
South Italy and islands; 50-64 years	1807	2027 (1480; 2544)	1802 (1764, 1855)	1933 (1162, 2599)	
South Italy and islands; 65-79 years	3731	4898 (3322; 6383)	3739 (3624, 3866)	6436 (4391, 8215)	
South Italy and islands; 80+ years	11,461	9260 (3239; 15,001)	11,477 (10,968, 12,005)	11,471 (6698, 15,701)	
Entire South Italy and islands	16,328	16,588 (10,068; 22,781)	16349 (15,734, 16,995)	20,065 (12,503, 26,896)	
Entire Italy; 0-49 years	-1654	-183 (-1296; 877)	-1650 (-1679, -1625)	334 (-392, 969)	
All of Italy; 50-64 years	5363	5767 (4594; 6887)	5362 (5227, 5502)	6600 (4708, 8242)	
All of Italy; 65-79 years	20,110	25,033 (21,102; 28815)	20,076 (19,300, 20,882)	30,469 (24,724, 35,487)	
All of Italy; 80+ years	76,708	68,554 (50,239; 86,130)	76,760 (73,682, 79,970)	78,973 (63,764, 92,199)	
All of Italy	100,526	99,968 (81,474; 117,585)	100,530 (96,805, 104,417)	116,431 (93,146, 136,888)	

# Bibliografia

- Cereda, D., Manica, M., Tirani, M., Rovida, F., Demicheli, V., Ajelli, M., ... & Merler, S. (2021). The early phase of the COVID-19 epidemic in Lombardy, Italy. *Epidemics*, 37, 100528.
- Cho, S. W. (2020). Quantifying the impact of nonpharmaceutical interventions during the COVID-19 outbreak: The case of Sweden. *The Econometrics Journal*, 23(3), 323-344.
- Cori, A., Ferguson, N. M., Fraser, C., & Cauchemez, S. (2013). A new framework and software to estimate time-varying reproduction numbers during epidemics. *American journal of epidemiology*, 178(9), 1505-1512.
- Gostic, K. M., McGough, L., Baskerville, E. B., Abbott, S., Joshi, K., Tedijanto, C., ... & Cobey, S. (2020). Practical considerations for measuring the effective reproductive number,  $R_t$ . *PLoS computational biology*, 16(12), e1008409.
- Maruotti, A., Ciccozzi, M., & Divino, F. (2021). On the misuse of the reproduction number in the COVID-19 surveillance system in Italy. *Journal of Medical Virology*, 93(5), 2569.
- Mingione, M., Alaimo Di Loro, P., & Maruotti, A. (2024). A useful parametric specification to model epidemiological data: Revival of the Richards' curve. *Statistical Methods in Medical Research*, 33(8), 1473-1494.
- Pelagatti, M., & Maranzano, P. (2021). Assessing the effectiveness of the Italian risk-zones policy during the second wave of COVID-19. *Health Policy*, 125(9), 1188-1199.
- Sherratt, K., Gruson, H., Johnson, H., Niehus, R., Prasse, B., Sandmann, F., ... & Funk, S. (2023). Predictive performance of multi-model ensemble forecasts of COVID-19 across European nations. *Elife*, 12, e81916.