



Escola Politècnica Superior
d'Enginyeria de Vilanova i la Geltrú

UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE CATALUNYA

TREBALL FINAL DE GRAU

TÍTOL: Pandèmies: aplicacions del model SIR

AUTORS: L'OUAFI GUENNOUNI, ISMAEL

DATA DE PRESENTACIÓ: octubre, 2023

COGNOMS: L'OUAFI GUENNOUNI

NOM: ISMAEL

TITULACIÓ: GRAU EN ENGINYERIA INFORMÀTICA

PLA: 2022/23

DIRECTOR: MORENO LUPIÁÑEZ, MANUEL

DEPARTAMENT: FÍSICA

QUALIFICACIÓ DEL TFG

TRIBUNAL

PRESIDENT

SECRETARI

VOCAL

DATA DE LECTURA:

Aquest Projecte té en compte aspectes mediambientals: € Sí € No

RESUM

El següent treball presenta una investigació i anàlisi del model SIR aplicat a pandèmies, amb l'objectiu de proporcionar una comprensió clara del model. Es proposa un programa que utilitza el model SIR per a fer simulacions de com es pot desenvolupar una pandèmia en un cert temps. El mètode emprat és una anàlisi del model SIR i diferents paràmetres relacionats que ens ajudaran amb la labor de comprensió. Els resultats mostren la importància del model SIR en la comprensió de la propagació d'epidèmies i la seva aplicació en la presa de decisions. Es destaca la incipient implementació d'eines d'intel·ligència artificial per a millorar l'eficàcia predictiva dels models que pretenen estudiar les dinàmiques de propagació d'una malaltia infecciosa. Les conclusions destaquen la necessitat de fer servir models com el SIR amb la possibilitat d'adaptar-lo segons els requisits i factors d'una pandèmia.

Paraules clau (màxim 10):

<i>Model matemàtic d'una epidèmia</i>	<i>Equacions diferencials ordinàries (EDO)</i>	<i>propagació</i>
<i>pandèmies</i>	<i>model SIR</i>	<i>simulacions</i>
<i>Malaltia infecciosa</i>	<i>prevenció</i>	
<i>COVID-19</i>	<i>Model compartimental</i>	

ABSTRACT

This paper presents an investigation and analysis of the SIR model as applied to pandemics, with the aim of providing a clear understanding of the model. A software program is proposed that uses the SIR model to simulate how a pandemic may evolve over time. The method used is an analysis of the SIR model and various related parameters that will help us to understand it. The results show the importance of the SIR model in understanding the spread of epidemics and its application in decision making. The incipient implementation of artificial intelligence tools to improve the predictive efficiency of models aimed at studying the dynamics of the spread of an infectious disease is highlighted. The conclusions highlight the need to use models such as the SIR, with the possibility of adapting them to the needs and factors of a pandemic.

Keywords (10 maximum):

<i>mathematical model of an epidemic</i>	<i>ordinary differential equations (ODE)</i>	<i>propagation</i>
<i>pandemics</i>	<i>SIR model</i>	<i>simulations</i>
<i>infection</i>	<i>prevention</i>	
<i>COVID-19</i>	<i>compartmental model</i>	

SUMARI

INTRODUCCIÓ I OBJECTIUS	8
1. MODELATGE MATEMÀTIC	11
1.1 UNA MICA D'HISTÒRIA	11
1.2 TEOREMA DEL LLINDAR	13
1.3 MODELS COMPARTIMENTALS	15
1.4 MODELS DETERMINISTES	17
1.5 MODELS ESTOCÀSTICS	19
2. MODEL SIR	22
2.1 DEFINICIÓ	22
2.2 NOMBRE REPRODUCTIU BÀSIC	25
2.3 PARÀMETRES IMPORTANTS	27
3. PROGRAMA I APLICACIÓ AL COVID-19	31
3.1 REREFONS DEL PROGRAMA	31
3.2 EXECUCIÓ I RESULTATS	32
3.3 CODI	35
3.4 LIMITACIONS I PRESA DE DECISIONS	40
CONCLUSIONS	40
AGRAÏMENTS	42
BIBLIOGRAFIA	43
ANNEX	46

SUMARI DE FIGURES

FIGURA 1.1 Esquema simple del model SIR	p.8
FIGURA 1.2 Població afectada pel còlera.	p.11
FIGURA 1.3 Impulsors de l'epidemiologia matemàtica: John Snow (esquerra), Sir Ronald Ross (centre), Anderson McKendrick (dreta).	p.12
FIGURA 1.4 Gràfic del model SIR	p.14
FIGURA 1.5 Tendències en el moviment de la població durant la pandèmia de COVID-19 a Tarragona.	p.20
FIGURA 1.6 Tendències en el moviment de la població durant la pandèmia de COVID-19 a Tarragona.	p.20
FIGURA 2.1 Diagrama del flux del model SIR	p.24
FIGURA 2.2 Figura a on es mostra el flux de propagació per a un valor de $R_0 = 4$	p.26
FIGURA 2.3 Cicle exemplar de les estades d'un individu durant una epidèmia.	p.28

SUMARI DE TAULES

TAULA 1.1 Taula de resultats de la primera i segona ona de contagis en els Estats Units, Índia, Brasil, França i Rússia. p.16

TAULA 1.2 Paràmetres importants del COVID-19 p.27

INTRODUCCIÓ I OBJECTIUS

Fins fa res, gran part de la humanitat no considerava que una epidèmia a escala global fos un perill real i sempre hem volgut pensar que és inversemblant que ens passi. No obstant això, l'11 de març del 2020 l'Organització Mundial de la Salut (OMS) va avaluar que la COVID-19 es podia caracteritzar com una pandèmia [1]. En el moment d'escriure això, la COVID-19 ha infectat més de 695 milions de persones i ha matat a gairebé 7 milions de persones a tot arreu del món i 13.9 milions de casos i 121 mil morts a Espanya [2]. Això ha fet que el món tingui la necessitat de millorar en tots els àmbits els models de gestió de les pandèmies, i la forma que gestionem les dades són vitals per a poder preveure i evitar futurs escenaris on podria agreujar-se més una determinada situació.

Un determinat tipus de models matemàtics, anomenats models compartimentals, assignen la població d'una àrea en diversos compartiments diferents. En aquests models s'utilitzen equacions diferencials ordinàries (EDO) deterministes, encara que també es pot utilitzar amb un marc estocàstic. Un model compartimental és l'anomenat SIR on els diferents compartiments són susceptibles, infectats i recuperats. Aquests models de compartiments es poden millorar ajustant els seus paràmetres a dades reals registrades, fent-les més afins amb els escenaris del món real. Això converteix al model SIR en un model adaptatiu.

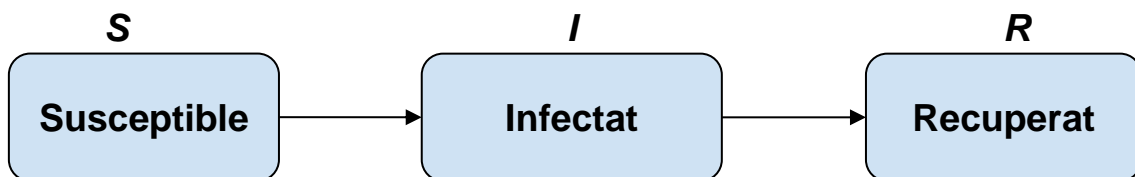


Figura 1.1 Esquema simple del model SIR. Font: autoria pròpia

El que proposem en el següent treball és una investigació dels models compartimentals en concret del model SIR i els paràmetres que podem aplicar-li. Volem avaluar el seu potencial, limitacions i entendre el seu context al llarg de la història i d'aquesta manera comprendre amb força amplitud el model per a implementar-ho en un programa que visualitzi l'evolució d'una epidèmia juntament amb alguns paràmetres clau que ens permeten comprendre amb més profunditat les diferents dinàmiques que adopta una epidèmia al llarg de la seva existència.

La meva motivació principal amb aquest treball és la de posar en pràctica tots els coneixements adquirits durant els meus anys de grau i amb la seva culminació sentir-me realitzat, a més d'oferir un treball que sigui concís, pràctic i ampliable en l'àmbit de l'epidemiologia. La idea principal és mostrar valors aproximats de l'abast que pot tenir una nova malaltia que podria posar en risc a la humanitat, i així tenir eines per a preparar-se per a una pandèmia tal com ha passat recentment amb la pandèmia de la COVID-19.

Sintetitzant més els objectius d'aquesta tesi, el propòsit final és el de desenvolupar una cerca i adaptació del model SIR que pugui ser escalat a un projecte més gran amb la infinitat de possibilitats que tenim d'avui dia per a recopilar i tractar informació de tot tipus que serveix per a predir amb la major precisió possible les dinàmiques que tindrà un brot epidèmic.

Per a una millor comprensió de la tesi cal destacar alguns conceptes clau:

- **Pandèmia:** S'entén com a pandèmia a quan s'esdevé l'aparició d'un agent infecciós a més d'un continent i a condició que els nous casos dins d'una zona o país siguin deguts per transmissió entre la mateixa població, és a dir, les noves infeccions no venen per individus externs o aliens a aquesta població.
- **Epidèmia:** S'esdevé una epidèmia quan el ritme de transmissió d'una malaltia infecciosa té un ràpid augment dels contagis de forma constant i descontrolada.
- **Brot epidèmic:** Es tracta de l'aparició sobtada d'un agent infecciós en un lloc i moment donats.
- **Malaltia infecciosa:** són aquells microorganismes que tenen la capacitat de transmetre's entre individus. Aquests microorganismes solen ser virus, bacteris, fongs i paràsits.

- **Epidemiologia:** És la ciència que estudia les dinàmiques de propagació i les característiques que tenen les malalties infeccioses a la societat.
- **Model matemàtic:** Es tracta d'un model que utilitza fórmules matemàtiques per representar diferents paràmetres que ens permeten entendre la idiosincràsia d'un agent patògen.
- **Model epidemiològic:** És el conjunt de tècniques que permeten adaptar els models matemàtics a les dinàmiques d'un brot per aconseguir un model acotat a un cas concret d'epidèmia.

1. MODELATGE MATEMÀTIC

1.1 UNA MICA D'HISTÒRIA

Els models matemàtics s'han convertit en una eina important per desglossar i analitzar la propagació de malalties infeccioses. Ajuden a la nostra comprensió i faciliten les prediccions a curt, mitjà i llarg termini. La transmissió d'una malaltia és un fenomen complex en el qual intervenen nombrosos factors: l'entorn del patogen i els seus hostes, la població exposada, la dinàmica d'aquesta... L'epidemiologia matemàtica pretén modelitzar la implantació i expansió dels patògens en una població donada.

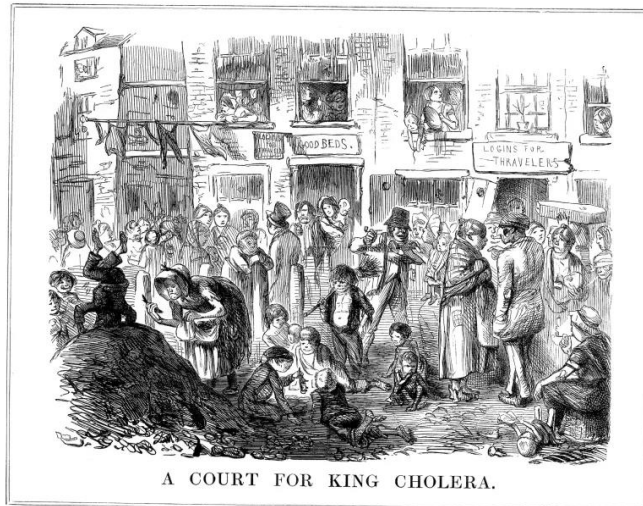


Figura 1.2 Població afectada pel còlera. Font: [The National Archives](#)

L'estudi dels brots epidèmics i les seves possibles causes es remunta a la Grècia clàssica: Hipòcrates (459-377 a. C.) va escriure que el temperament de les persones, els hàbits i el medi ambient que les envolta condicionen el desenvolupament d'una malaltia. No obstant això, el primer model epidèmic va ser formulat pel suís Daniel Bernoulli (1700-1782) al segle XVIII. Bernoulli era físic i també membre d'una famosa família de matemàtics. Basat en un enfocament teòric dels efectes d'una malaltia, el seu primer model publicat va demostrar augmentar l'esperança de vida dels individus vacunats contra la verola. L'estatunidenc William Hamer (1858-1934) va plantejar la hipòtesi que la taxa de transmissió depèn del nombre de susceptibles i infectats. Es coneix com a llei d'acció de masses, i expressa que la taxa a la qual es propaga una malaltia és proporcional al nombre d'individus susceptibles de contreure-la, multiplicat pel nombre d'infecciosos. El britànic Ronald Ross (1857-1932) el 1911, va formular un model matemàtic en temps continu, és a dir, si el temps és especificat com un flux continu per a la dinàmica de transmissió de la malària.

Els escocesos William Kermack (1898-1970) i Anderson Gray Mckendrick (1876-1943) el 1927 van utilitzar un sistema d'equacions diferencials ordinàries per formular el teorema del llindar, que estableix que el nombre inicial per a produir un brot epidèmic cal superar els susceptibles [4].



Figura 1.3 Impulsors de l'epidemiologia matemàtica: John Snow (esquerra), Sir Ronald Ross (centre), Anderson McKendrick (dreta). Font: [ResearchGate](#)

El model SIR desenvolupat per Ronald Ross, William Hamner i d'altres a principis del segle passat, consisteix en un sistema de tres equacions diferencials ordinàries que ens atorguen certs valors que són claus per analitzar un brot d'una infecció. Podem extreure molta informació sobre les solucions aplicant alternatives per a la resolució del sistema d'equacions diferencials parcials segons els requisits d'una pandèmia. Al llarg de la història veiem com aquest model senzill ajuda a establir una base teòrica per a les intervencions de salut pública en determinats escenaris [9].

1.2 TEOREMA DEL LLINDAR

Anderson Gray McKendrick era un físic comissionat per l'exèrcit anglès a l'Índia, va començar l'any 1911 la seva carrera de l'estudi del camp de l'epidemiologia sobretot en l'àmbit matemàtic en gran part motivat directament per Ronald Ross que va ser un metge guardonat amb el *Premi Nobel de Fisiologia o Medicina*.

McKendrick, juntament amb William Kermack l'any 1927, van establir en una cerca un model epidèmic simple. Involucra l'estudi de la transmissió d'una malaltia que en recuperar-se un individu rep immunitat permanent. En un principi el model estava orientat a estudiar brots epizoòtics que equivalen a les epidèmies en els humans.

El seu treball matemàtic va portar al primer teorema llindar, en anglès *threshold theorem*, que fins a l'actualitat és el més àmpliament reconegut, i la necessitat radicava en entendre i donar explicació als pics en el nombre d'infectats en epidèmies tals com la quarta pandèmia de colera succeïda durant els anys 1863 i 1875 [18].

El valor clau que governa aquestes equacions és l'anomenat llindar epidemiològic:

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

Recordem que β és la taxa de transmissió, γ la taxa de recuperació i S és el compartiment adreçat als individus susceptibles [7].

Si considerem que la població és enterament susceptible, és a dir $S = 1$, obtenim:

$$\frac{\beta}{\gamma}$$

que és el ritme bàsic de reproducció, pel seu símbol:

$$R_0$$

a

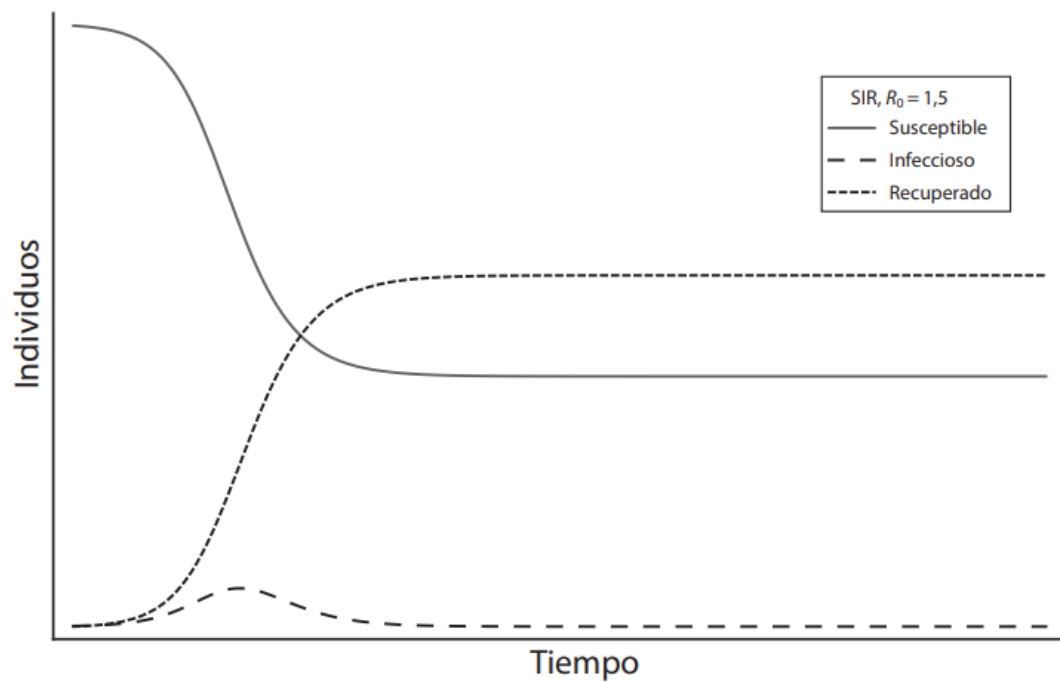


Figura 1.4 Gràfic del model sir amb una ràtio reproductiva bàsica de 1.5 ($R_0 = 1.5$). Els paràmetres utilitzats en aquesta gràfica són $N = 1000$; $\beta = 0.1$; $\gamma = 0.0667$ Font: *American Journal of Public Health*

Com podem observar al gràfic, donat aquest valor del nombre bàsic de reproducció veiem que fins al moment on hi ha el pic o valor llindar és quan tenim fluctuacions i canvis de dinàmica més bruscos, fins que s'estabilitza la situació. En aquest cas en ser el valor força proper a 1, la situació arriba a una normalització amb força velocitat.

1.3 MODELS COMPARTIMENTALS

En l'àmbit epidemiològic, els mètodes de modelatge que s'utilitzen per a simular i predir la propagació de pandèmies com la de la COVID-19 inclouen el model compartimental, les metapoblacions estructurades, els models basats en agents, l'aprenentatge profund i la xarxa complexa, sent els models compartimentals un dels mètodes més utilitzats. Els models compartimentals són uns models matemàtics en els quals la població es classifica en diferents compartiments. Aquests models simulen com els individus dels diferents compartiments interactuen entre si, amb suposicions sobre les dinàmiques amb les que un individu es desplaça entre els diferents compartiments [3].

Avui dia, com gairebé tot arreu del món, està en constant canvi i millora. Els models predictius no es queden fora i amb el creixent desenvolupament i implantació a la nostra societat de diferents sistemes d'aprofitament de la intel·ligència artificial amb l'aprenentatge automatitzat o *machine learning*. A continuació anomenarem diferents mètodes utilitzats en l'actualitat per a impulsar l'exactitud de les prediccions en les dinàmiques de propagació en les epidèmies:

- Model autoregressiu: Permet fer prediccions mitjançant una combinació lineal de valors passats que han tingut les variables del mateix model.
- Model autoregressiu integrat de mitjana mòbil (*ARIMA*): És un model estadístic lineal que busca patrons a l'històric de dades, i d'aquesta forma pot simular els efectes que pot tenir una epidèmia en un futur.
- Xarxes neuronals: Aquí es busca simular el raonament del cervell humà mitjançant intel·ligència artificial per a fer prediccions. Esmentarem dos tipus:
 1. Memòria a llarg-curt termini (*Long short-term memory*): És capaç de recordar estats previs que l'ajuden a reduir la probabilitat d'error per a estats futurs.
 2. Unitats recurrents tancades (*Gate Recurrent Unit*): Implementa una estratègia li permet mantenir la informació rellevant i transmetre-la a pròxims estats.

Aquests són només alguns dels exemples que hem esmentat, però n'hi ha multitud de mètodes que cada dia són millors, ja que el factor clau que té l'aprenentatge automatitzat és que segons passa el temps i mentre el seguim enriquint amb dades anirà millorant de forma ininterrompuda.

Els models compartimentats en epidemiologia són una eina important per a veure com pot propagar-se una malaltia infecciosa en una població i també per a avaluar l'eficàcia de les mesures contra la malaltia infecciosa amb l'objectiu d'influir en les polítiques de salut pública.

A l'hora de voler plasmar en una tècnica o mètode l'estudi d'una epidèmia ens trobem amb una infinitat de factors que afecten en major o menor mesura i precisament aquest és un dels majors reptes. En un món globalitzat, el nombre de persones en cada cens geogràfic, els fluxos de moviment dins de la població, tenint en compte no només els desplaçaments a nivell intern sinó també extern i l'aparició sobtada de variants amb una capacitat mortal major són alguns exemples dels inconvenients que planteja el modelatge epidemiològic.

Country	First identified date	First wave				Second wave			
		r^p month	Peak period	Estimated peak size	Real peak size	r^p month	Peak period	Estimated peak size	Real peak size
USA	21-01-2020	6.3	30 July, 20	74,500	62,000	11.03	17 Dec, 20	254,000	239,900
India	30-01-2020	7.5	11 Sept., 20	98,000	97,570	15.4	05 May, 21	412,520	412,431
Brazil	26-02-2020	5.1	30 July, 20	70,000	51,000	14.26	28 Apr, 21	79,726	80,000
France	24-01-2020	2.3	01 April, 20	4820	4844	9.63	07 Nov, 21	86,000	86,655
Russia	02-02-2020	4.3	12 June, 20	12,000	10,500	10.53	11 Dec, 21	29,000	28,206

Taula 1.1 Taula de resultats de la primera i segona ona de contagis en els Estats Units, Índia, Brasil, França i Rússia. Font: [Elsevier](#)

En l'anterior taula es mostra l'aplicació d'un model SIR, però adaptat, el que s'ha fet és afegir un compartiment extra que és el que pertany als individus en quarantena, per la qual cosa es converteix en un model SIQR que permet el pas d'un individu que està en quarantena (Q) a estar al compartiment dels recuperats (R) [6].

1.4 MODELS DETERMINISTES

Els models deterministes són una eina comunament utilitzada en la modelització matemàtica de les malalties infeccioses, el fet és que aquests models són útils per a descriure el comportament d'una malaltia en una població al llarg del temps. Els models deterministes es basen en equacions diferencials ordinàries (EDO).

Un model determinista permet calcular amb exactitud un esdeveniment futur, sense que intervingui l'atzar. Si alguna cosa és determinista, es disposa de totes les dades necessàries per a predir (determinar) el resultat amb una taxa d'error petita.

En els models deterministes s'assumeix que la població és homogènia i que la taxa d'infecció és proporcional al nombre d'individus susceptibles i al nombre d'individus infectats. El model SIR també suposa que els individus infectats es recuperen i es tornen immunes a la malaltia. Els models deterministes depenen menys de dades d'alta qualitat, són més fàcils de configurar i compten amb programes informàtics de fàcil maneig àmpliament disponibles. Els models deterministes són igualment ampliables i adaptables.

En un model determinista els valors d'entrada i sortida estan estrictament relacionats, no contemplant-se l'existència d'atzar, o incertesa en el procés de modelatge mitjançant aquest tipus model.

L'èxit de la seva utilització radica en la seva implementació a simuladors per estudiar situacions hipotètiques i amb la creació de sistemes de gestió per reduir la propagació d'errors. Els models deterministes només són adequats per a sistemes deterministes no caòtics, és a dir, per a sistemes aleatoris (no deterministes) i per a sistemes caòtics (de llarg termini deterministes impredecibles), els models deterministes no poden predir adequadament la majoria de les seves característiques.

No obstant això, la incorporació d'una major complexitat en les relacions amb un augment del nombre de variables i elements fora del model determinista, permet al model aproximar-se a un model probabilístic o estocàstic.

A continuació veurem alguns avantatges i desavantatges de l'ús de models deterministes:

Avantatges:

- Els models deterministes tenen l'avantatge de la seva simplicitat. Es basen en hipòtesis úniques sobre els rendiments mitjans a llarg termini i la inflació.
- Els models deterministes són més fàcils d'entendre i això és clau per a la seva possible ampliació i extensió.

Desavantatges:

- En projeccions deterministes massa simples tenen moltes carències a l'hora de prendre decisions a llarg termini en no considerar variables canviants en tant que temps.
- En no tindre en compte la variabilitat dels factors que afecten el modelatge matemàtic d'una epidèmia els models deterministes poden caure en una tendència a sobreestimar els resultats de les seves prediccions.

1.5 MODELS ESTOCÀSTICS

Els models estocàstics són un tipus de model matemàtic utilitzat per a estudiar les malalties infeccioses, un procés estocàstic és un conjunt de variables aleatòries que depèn d'un paràmetre o d'un argument. En l'anàlisi de sèries temporals, aquest paràmetre és el temps. Aquests models es basen en la teoria de la probabilitat i són útils per a modelitzar la propagació de malalties infeccioses en una població. Els models estocàstics són especialment útils per a modelar sistemes complexos amb molts components que interactuen entre si mateixos, en els quals el comportament dels components individuals és força impredecible [8].

Aquests models disposen d'una gran quantitat d'heterogeneïtat i complexitat, la qual cosa proporciona un seguiment molt més clar, fet que no es dona amb l'ús de models deterministes.

Els models estocàstics poden utilitzar-se per a modelitzar la propagació de malalties infeccioses en una població, a més d'avaluar l'impacte de diferents estratègies de control de malalties així com el control de l'aparició i propagació de ceps de malalties infeccioses.

Un dels tipus de models estocàstics més utilitzats en epidemiologia és el model epidèmic estocàstic, que es basa en una cadena de *Markov*, el qual és un model matemàtic que descriu un sistema que canvia amb el temps de forma probabilística.

Els models estocàstics poden ser més difícils de modelar que els models deterministes, i els resultats a vegades poden ser força aleatoris. No obstant, aquests models són útils per a tindre en compte la variabilitat i l'heterogeneïtat d'un nucli poblacional. Cap afegir que és important utilitzar models estocàstics juntament amb altres enfocaments de modelització com els models deterministes, per a obtenir una comprensió més àmplia i completa de la dinàmica de la malaltia.

Els models estocàstics utilitzen moltes dades històriques per a simular la probabilitat que es produeixi un fet. Un model estocàstic no produirà un resultat determinat sinó que oferirà una gamma de possibles resultats. Un model estocàstic també té la capacitat d'evitar les importants deficiències inherents als models deterministes, la qual cosa li dona avantatge.

En els temps actuals no obstant, tenim un ventall de possibilitats per acotar i millorar els nostres sistemes de modelatge. En un món interconnectat on la infinitat de sensors que ens envolten ens poden entregar dades en magnituds precises del comportament de les persones, tenim l'exemple de les grans empreses que fan ús de la seva capacitat, com ara *Google*, ens donen de forma gratuïta dades molt interessants del comportament en tant que mobilitat, que és un factor clau que conèixer per a poder predir amb més exactitud les dinàmiques de les epidèmies.

Barcelona

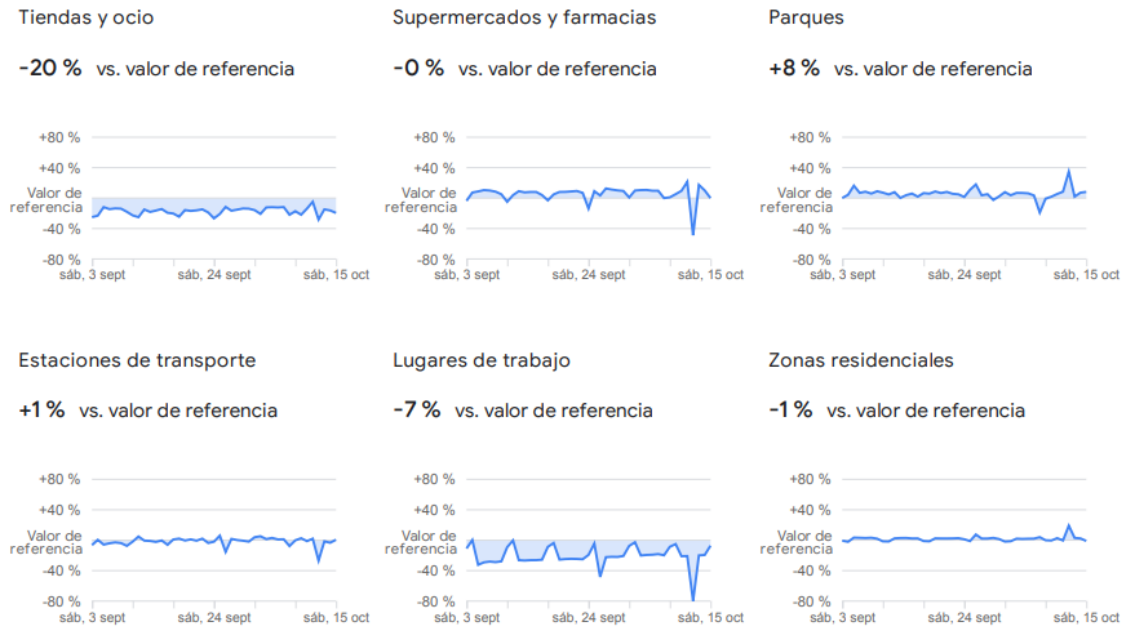


Figura 1.5 Tendències en el moviment de la població durant la pandèmia de COVID-19 a Tarragona. Font: [Google](#)

Tarragona



Figura 1.6 Tendències en el moviment de la població durant la pandèmia de COVID-19 a Barcelona. Font: [Google](#)

Pandèmies: aplicacions del model SIR
Ismael Louafi

Com veiem en aquests exemples el que ens entreguen són una sèrie de gràfiques per zones com ara la província de Barcelona o Tarragona, amb un percentatge positiu o negatiu respecte a un valor de referencia predeterminat que estima el nombre de persones que freqüenten un espai i la seva evolució cada cert temps, en aquest cas 3 setmanes.

2. MODEL SIR

2.1 DEFINICIÓ

El model SIR consisteix en un sistema de 3 equacions diferencials que es regeixen pel pas del temps, es tracta d'una equació per a cada compartiment. Es basa en supòsits simples però efectius i evidents, com ara que les noves infeccions es produeixen per contacte entre individus infectats i susceptibles. El model divideix la població en tres grups:

(1) **S: Susceptible**

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

(2) **I: Infectat**

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

(3) **R: Recuperat**

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

Taxa de transmissió:

β (beta)

Taxa de recuperació:

γ (gamma)

Nombre total de població:

N

Consideracions:

- En el model ordinari de la primera equació es dona per descomptat que no hi ha naixements ni morts.
- Al començament del brot o epidèmia ($t = 0$) suposem que la població està totalment constituïda per individus susceptibles i un sol individu infecciós.
- S'ha de complir en tot cas que la població total sigui el sumatori dels tres compartiments.

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

- Amb aquest model, si la taxa de transmissió excedeix a la de recuperació, és a dir:

$$\frac{\beta}{\gamma} > 1$$

llavors ens trobem a l'escenari a on la malaltia es propagarà:

$$\frac{dI}{dt} > 0$$

- $\frac{\beta}{\gamma}$ és el nombre d'infeccions noves per unitat de temps, multiplicat pel temps que dura la infecciositat, i amb això podem saber el nombre d'infeccions noves que es van originar de l'individu infectat inicialment o *cas índex* (erròniament conegut com a pacient zero). Així mateix, la raó $\frac{\beta}{\gamma}$ és el nombre reproductiu bàsic.

El model suposa que els individus passen del grup susceptible a l'infectat a un ritme proporcional al nombre de contactes entre individus infectats i susceptibles, i que els individus infectats es recuperen a un ritme proporcional al nombre d'individus infectats. El model també suposa que els individus recuperats són immunes a la malaltia i no poden tornar a infectar-se.

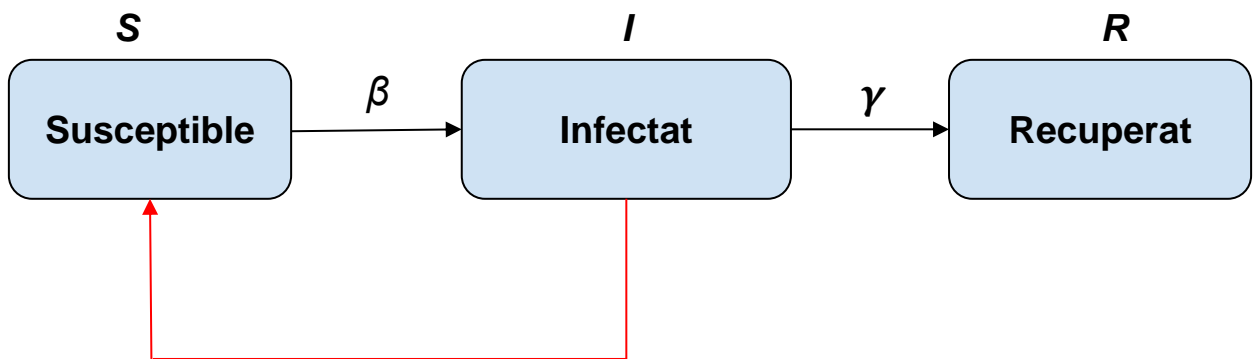


Figura 2.1 Diagrama del flux del model SIR Font: autoria pròpia

El model SIR és un model molt adaptable, ja que en funció de la malaltia i el seu comportament es pot adaptar cada compartiment afegint, traient o adaptant-ho. Per exemple, es pot eliminar la classe d'individus recuperats (R) per a les malalties a les quals aquests individus es reincorporen a la classe de susceptibles (S), amb la qual cosa el model es transforma a SIS, que pot usar-se per a malalties com el catarro comú.

El SIR és un model determinista, que significa que s'assumeix que el comportament del sistema pot predir-se exactament donades les condicions inicials i els paràmetres del model. No obstant això, en la realitat, sempre existeix cert grau d'aleatorietat en la propagació com hem mencionat prèviament, de les malalties infeccioses a causa de factors com el comportament dels individus, les condicions ambientals i els successos fortuïts. Per a tenir en compte aquesta aleatorietat, s'han desenvolupat versions estocàstiques del model SIR, que utilitzen distribucions de probabilitat per a modelitzar la propagació de la malaltia.

El model SIR s'ha utilitzat per a estudiar la propagació de moltes malalties infeccioses, com el xarampió, la grip i el VIH. El SIR pot utilitzar-se per a estimar el nombre reproductiu bàsic R_0 que és el nombre mitjà d'infeccions secundàries causades per un sol individu infectat en una població completament susceptible. El valor d' R_0 és un paràmetre important en la epidemiologia de les malalties infeccioses, ja que determina si un brot creixerà o s'extingirà, més endavant veurem amb més profunditat aquest paràmetre.

2.1 NOMBRE REPRODUCTIU BÀSIC

El nombre reproductiu bàsic, també anomenat ritme bàsic de reproducció o ràtio reproductiva bàsica, és un paràmetre epidemiològic essencial per a descriure la contagiositat d'una malaltia. Es tracta de l'estimació de la velocitat amb la qual es propaga un agent patogen en una determinada població. En concret, representa el nombre mitjà d'infeccions secundàries que resulten d'un sol individu infectat en una població susceptible. En altres paraules, és una mesura de quantes persones és probable que infecti una persona infectada durant el que li duri la seva malaltia. Gràcies a aquest paràmetre i juntament amb altres també importants, ja que el nombre reproductiu bàsic per si mateix no és un paràmetre definitori com per a entendre amb una fiabilitat molt alta la forma amb la qual es desenvolupa una epidèmia, som capaços de prendre decisions amb la suficient antelació per a frenar la propagació d'una malaltia [12].

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

Per fer-ho més clarificador hem de posar el número 1 com a valor llindar:

$R_0 < 1$: Aquí el que podem preveure en ser el nombre reproductiu bàsic menor a 1 que l'epidèmia s'acabarà extingint en cas que aquest valor sigui precedit per una epidèmia i per tant per valors majors a 1, és a dir, que s'ha controlat la propagació o que si es el primer valor a analitzar que encara no s'ha esdevingut una epidèmia i que està controlat en aquell instant.

$R_0 > 1$: En aquest cas és un indicador clar que l'epidèmia s'està propagant i es pot esdevenir en una pandèmia o epidèmia.

$R_0 \cong 1$: L'epidèmia està en un punt on podria trencar la seva tendència per a augmentar o per a disminuir. Normalment quan els valors són propers a 1 la tendència sol ser a la baixa.

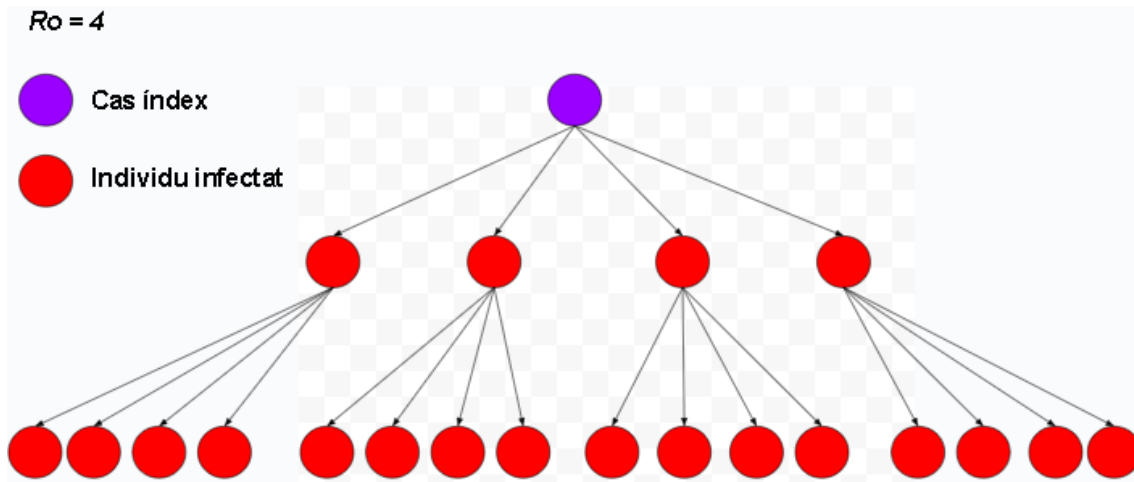


Figura 2.2 Figura a on es mostra el flux de propagació per a un valor de $R_0 = 4$ Font: autoria pròpia

En el graf anterior es representa d'una forma gràfica el que representa el nombre reproductiu bàsic on de cada individu infectat veiem que en surten 4 [13].

En el context de la COVID-19, el nombre reproductiu bàsic sol estimar-se per a controlar l'evolució de la pandèmia i proporcionar informació al govern sobre l'eficàcia dels esforços de control, els epidemiòlegs solen considerar que el número reproductiu bàsic és un dels paràmetres decisius per a determinar si una epidèmia és susceptible de control, podríem dir que mesura la gravetat actual d'un brot epidemiològic. El R_0 representa el nombre de persones que és probable que infecti un individu infectat en un moment determinat, donades les mesures de control vigents. El seguiment del R_0 al llarg del temps pot proporcionar informació valuosa sobre l'eficàcia de les intervencions i sobre la necessitat d'intensificar els esforços de control. No obstant això, aquest model té algunes limitacions, com assumir un valor constant per al R_0 al llarg del temps i no tenir en compte els canvis de comportament o les mesures de control. Aquestes limitacions poden donar lloc a prediccions inexactes de l'evolució de la pandèmia i dificultar la presa de decisions eficaces [14].

2.3 PARÀMETRES IMPORTANTS

Variable	Descripció	Unitat
β	<i>Taxa de transmissió</i>	$\frac{1}{\text{població} \times \text{dies}}$
γ	<i>Taxa de recuperació</i>	$\frac{1}{\text{dies}}$
t	<i>Temps</i>	<i>dies</i>
S	<i>Població susceptible</i>	<i>Individus</i>
I	<i>Població infectada</i>	<i>Individus</i>
R	<i>Població recuperada</i>	<i>Individus</i>
N	<i>Població total</i>	<i>Individus</i>

Taula 1.2 Paràmetres importants del COVID-19 Font: autoria pròpia

2.3.1 TAXA DE TRANSMISSIÓ

També se la coneix com la taxa de contacte efectiu i surt del producte entre la taxa de contacte i el risc d'infecció. En l'aspecte del seu abast s'utilitza per a determinar la incidència màxima i el temps que triga a arribar al punt màxim a més de la duració d'una epidèmia. Hi ha una relació directament proporcional entre la llicitada i disminució d'aquest paràmetre amb el de la taxa general d'atac, que és un cas particular de la taxa d'incidència i és la relació entre el nombre de persones infectades i el nombre d'individus exposats. S'expressa en percentatge, és a dir, nombre de casos per cada cent individus [5].

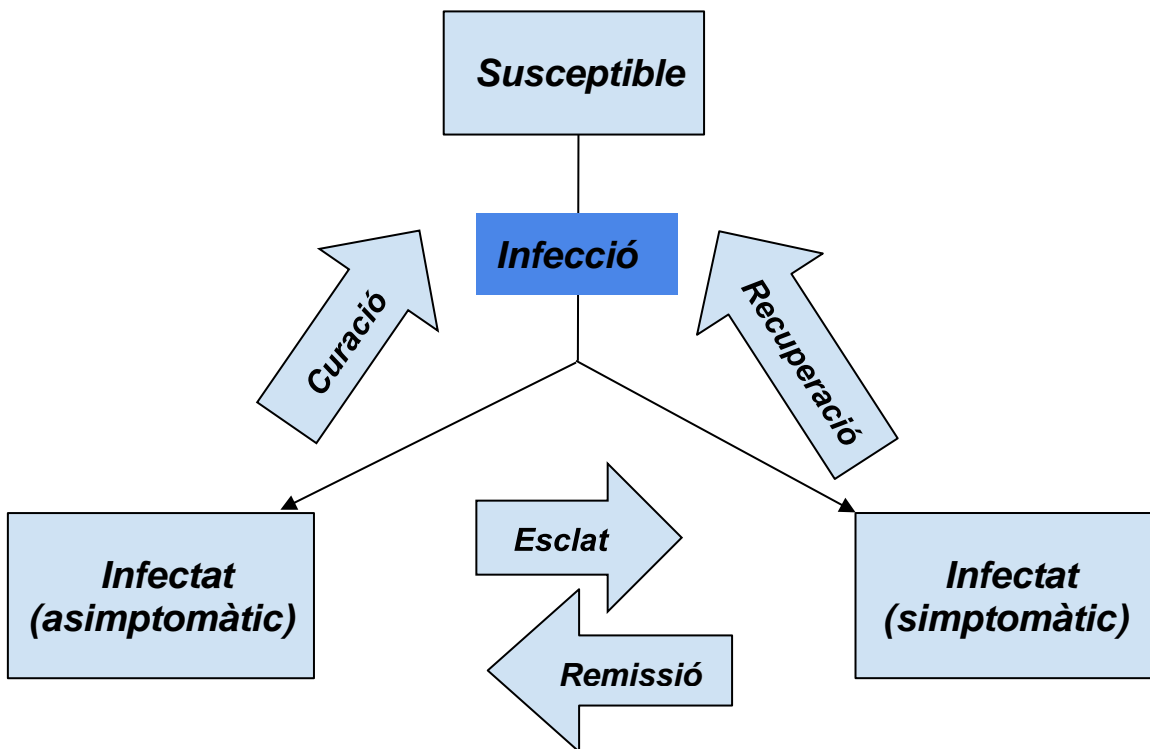


Figura 2.3 Cicle exemplar de les estades d'un individu durant una epidèmia. Font: autoria pròpia

En l'anterior figura es mostra un esquema bastant intuïtiu de les fases i estades que pot patir una persona que es troba en una epidèmia.

2.3.2 TAXA DE RECUPERACIÓ

Es tracta d'una conseqüència directa del període infecció, ja que és la inversa de la duració de l'estat infecció ($1/D$). Amb la taxa de recuperació determinem la incidència màxima, el temps per a arribar la incidència màxima i la duració d'una epidèmia. Hi ha una relació inversa d'entre la taxa de recuperació i la taxa general d'atac. Té rellevància en l'àmbit de la presa de decisions, ja que la utilització d'antivirals redueix el període infecció i això és clau per mitigar els efectes de la malaltia.

2.3.3 PERÍODE LATENT I PERÍODE D'INCUBACIÓ

El període latent fa referència a l'interval de temps que succeeix l'inici de la infecció i el moment en la que un individu entra al compartiment d'infectat. Més detalladament és el lapse de temps que passa al qual un agent patògen ha infectat a un determinat individu, però no obstant encara no hi ha hagut símptomes. El fet és que durant aquest procés la persona pot ser força contagiosa, segons la càrrega vírica de l'individu. Per aquests motius és un factor clar. També determina la incidència màxima, el temps per a arribar la incidència màxima i la duració d'una epidèmia. Els períodes latents que s'allarguen en el temps tenen conseqüències força negatives, ja que també fan que la duració d'una epidèmia s'estengui més.

El període d'incubació és el temps que tarda un individu d'estar infectat fins que mostra símptomes de la infecció. En aquest cas la rellevància que té aquest factor no és en termes de comprensió de la dinàmica de la malaltia i, per tant, per a les autoritats sanitàries, sinó que la seva importància radica en la salut pública. No obstant té un paper en el fet que en conèixer el període d'incubació d'una malaltia, sabem el temps i per tant en quin moment es va introduir una infecció en un determinat nucli de població amb força exactitud.

2.3.4 TAXA DE CONTACTE

També es coneix com a la taxa de contacte total, es refereix a la probabilitat que dos individus, un infectat i un susceptible entrin en contacte en un moment donat. Aquest contacte té una importància vital perquè hi hagi transmissió de l'individu infectat al susceptible. La taxa de contacte depèn de diversos factors com la densitat de població, la mobilitat de les persones i la forma que interactuen, segons augmenta la taxa de contacte augmenta la transmissió d'aquesta i per tant el ritme de propagació es veu substancialment afectat. Combinada amb el risc d'infecció determina l'eficàcia amb que una malaltia es transmetrà en una població. Mesures i intervencions com la quarantena o el tancament d'escoles redueix la taxa de contacte.

2.3.5 RISC D'INFECCIÓ

També rep els noms de taxa d'infecciositat o taxa d'atac secundari, és la probabilitat que té de contagi un individu que no està immunitzat. La seva combinació amb la taxa de contacte determina l'eficàcia amb que una malaltia es transmetrà en vers una població.

2.3.6 VIRULÈNCIA

Fa referència a la capacitat que té un agent patògen com un virus o un bacteri de causar dany a un individu, és a dir, mesura el grau de gravetat de la malaltia resultant d'una infecció. Hi ha diversos factors que concerneixen la virulència d'un agent patògen, com ara la capacitat que té per a reproduir-se una vegada ha entrat a l'hoste, la producció de toxines o invalidar el sistema immunitari. És interessant afegir que el fet que un agent patògen sigui més agressiu no beneficia a llarg termini al virus o bacteri, ja que a més dany inferit a l'hoste menor probabilitat que pugui estendre la infecció per les limitacions de salut i mobilitat que comporten els símptomes. Per tal de reduir l'impacte que té una malaltia és important l'ús correcte d'antivírics.

3. PROGRAMA Y APLICACIÓ AL COVID-19

3.1 REREFONS DEL PROGRAMA

La implementació del programa està basada en un codi de Python, donat que el propòsit és fer un treball en conjunt que sigui ampliable i actualitzable. Python disposa d'una àmplia varietat de llibreries que ens permeten oferir moltes funcionalitats ja implementades i inclús moltes que incorporen intel·ligència artificial. El codi s'executa en una aplicació web anomenada Jupyter Notebook amb la que ja he fet alguns projectes, que serveix per compilar, executar i visualitzar els gràfics resultants.

A banda del nombre reproductiu bàsic R_0 , es considera que l'addició del concepte del temps estimat que es duplica la població d'infectats segons el ritme de propagació en un instant precís pot ser força acurat.

Encara que és complicat contrastar els valors de les dades i paràmetres succeïts en la realitat durant la pandèmia de COVID-19, les dades utilitzades per a fer les simulacions són força acurades en provenir de fonts oficials dels països que analitzarem [10] [11] [15] [19].

3.2 EXECUCIÓ I RESULTATS

Exemple d'execució del programa amb dades del Regne Unit:

```
print ("Paràmetres genèrics:")  
print("Taxa de recuperació =",gamma)  
print("Taxa de mortalitat =",mu,"\n")
```

```
Paràmetres genèrics:  
Taxa de recuperació = 0.083  
Taxa de mortalitat = 0.0056
```

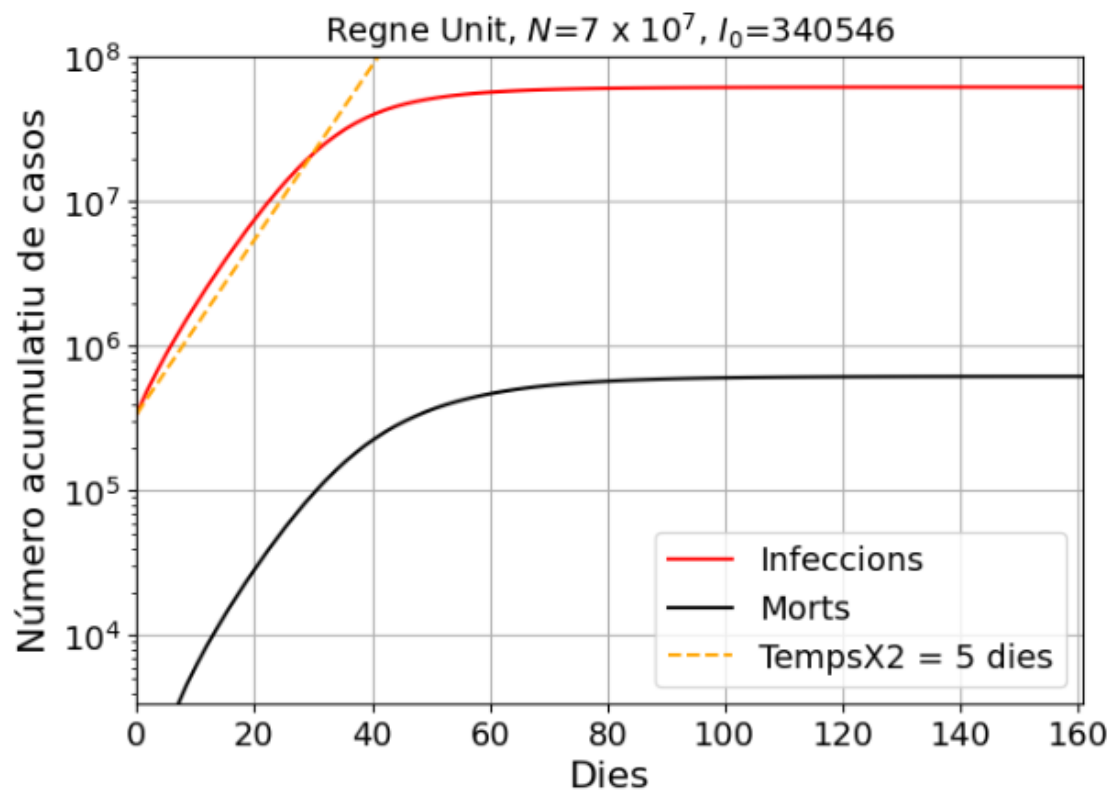
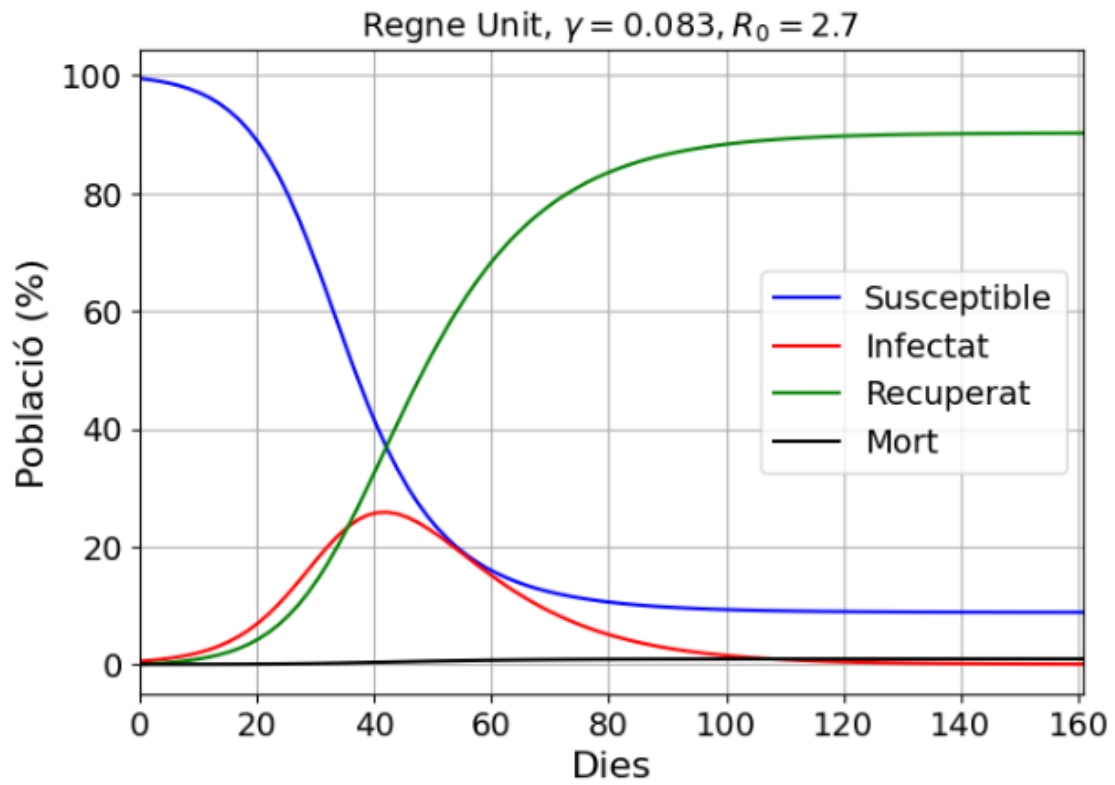
```
poblacio = tria_localitat('Regne Unit')  
f = grafics(poblacio,runge(poblacio))
```

```
Paràmetres per: Regne Unit  
R0 = 2.7  
TempsX2 = 5 dies  
Taxa de transmissió = 0.22  
Final de la simulació: t = 160 dies
```

```
Percentatge de la població no infectada, S = 9 %  
Percentatge de la població infectada, I = 0 %  
Percentatge de recuperats, R = 91 %
```

```
Percentatge infectats al pic de la pandèmia 26 %
```

```
Número total de morts = 347062
```



Com podem veure a l'execució del programa, per a aquests valors de les taxes de recuperació i mortalitat tenim un bon exemple per a fixar-nos en el funcionament de la simulació per a 160 dies. Tenim un nombre reproductiu bàsic de 2.7 que es força alt tenint en compte el moment que es vivia al regne amb un nombre d'infectats inicial de 340546 i triant un temps de duplicació de 5 dies (temps teòric deduït que tardaria a duplicar-se el número d'infectats en un precís moment). Es dedueix una taxa de transmissió de 0.22.

El resultat ens deixa amb una població susceptible del 9% i una població recuperada del 91%.

El percentatge d'infectats al pic de la pandèmia arriba aproximadament als 42 dies i representa un 26% en el moment àlgid.

Els resultats d'aquesta simulació són força acurats en comparació amb la simulació realitzada per Pranati Rakshit , Soumen Kumar, Samad Noeiaghdam, Unai Fernandez-Gamiz, Mohamed Altanji, Shyam Sundar Santra [20] amb una adaptació del model SIR bastant més complexa. Es tracta d'un model Susceptible - Exposed- Infected- Asymptomatic – Quarantined – Fatal - Recovered (SEIAQFR), que és un model més acurat en tindre en compte més factors i paràmetres com els d'un individu exposat, asimptomàtic, en quarantena i els fatals.

3.3 CODI

```
import numpy as np # numpy s'utilitza per a realitzar càlculs numèrics.
import pylab as plt # pylab és una biblioteca que proporciona funcions de
visualització
import sys # és biblioteca estàndard de Python

# Nombre reproductiu bàsic i Temps x2 (casos hipotètics)

R0=np.linspace(1.01,14.5,100) # array de 100 posicions nombre reproductiu bàsic
en un rang
tempsx2 = np.log(float(2))/(gamma*(R0-1)) # per a cada valor de R0 calculem el
temps que tardaria en duplicarse el nombre de casos
plt.figure(figsize=(11,7))

plt.plot(R0, tempsx2)

gamma = 0.014 # taxa de recuperació
mu = 0.0028 # taxa de mortalitat

# Dades COVID-19

plt.axhline(3, linestyle=':', color='blue')
plt.axhline(4, linestyle=':', color='red')
plt.axhline(30, linestyle=':', color='green')
#plt.axhline(6, linestyle=':', color='black')

plt.annotate('$Regne Unit$', xy=(10.0, 3-1), color='blue')
plt.annotate('$Estats Units$', xy=(10.0, 4+1), color='red')
plt.annotate('$India$', xy=(10.0, 30+10), color='green')
#plt.annotate('$Marroc$', xy=(10.0, 6), color='black')

plt.title("COVID-19 Nombre reproductiu bàsic - Temps x2")
plt.ylabel("$t_{\mathrm{X2}}$")
plt.xlabel("$R_0$")
plt.yscale('log')

plt.rc('font', size= 14)
plt.rc('axes', titlesize= 14)
plt.rc('axes', labelszsize= 16)
plt.rc('xtick', labelszsize= 14)
plt.rc('ytick', labelszsize= 14)
plt.rc('legend', fontsize= 14)
plt.rc('figure', titlesize= 16)
```

Pandèmies: aplicacions del model SIR
Ismael Louafi

```
def tria_localitat(nom):

    if (nom == 'Regne Unit'):
        N = 6.8e7 # població total
        I0 = 340546 # nombre inicial d'infectats
        tempsx2 = 10

    elif (nom == "Estats Units"):
        N = 7.566e6
        I0 = 2.42112e6
        tempsx2 = 8

    elif (nom == "India"):
        N = 1.4e9
        I0 = 1e5
        tempsx2 = 770.

    elif (nom == "Marroc"):
        N = 3.2e8
        I0 = 2e3
        tempsx2 = 2.4

    else:
        print("No existeix la població")
        sys.exit()

    beta = gamma + np.log(float(2))/tempsx2
    R0 = beta/gamma

    poblacio = dict([('nom', nom), #aquí creem un diccionari on guardem els
                    ('beta', beta),
                    ('gamma', gamma),
                    ('I0', I0),
                    ('N', N),
                    ('R0', R0),
                    ('tempsx2', tempsx2)])

    print("Paràmetres per:", poblacio['nom'])
    print(f'R0 = {R0:.1f}')
    print("TempsX2 =", tempsx2, "dies")
    print(f'Taxa de transmissió = {beta:.2f}')

    return poblacio
```

Pandèmies: aplicacions del model SIR
Ismael Louafi

```
def valors(S,I,R,t,SS,II,RR,tt): #aquí guardem en llistes de valors actuals i els  
valors històrics de cada element del nostre model
```

```
    SS.append(S)  
    II.append(I)  
    RR.append(R)  
    tt.append(t)  
    return SS, II, RR, tt
```

```
def runge(f):  
    beta = f['beta']  
    gamma = f['gamma']  
    I0 = f['I0']  
    R0 = f['R0']  
    N = f['N']  
    tx2 = f['tempsx2']  
  
    alpha_ts = np.double([0. , -5./9. , -153./128.])  
    beta_ts = np.double([1./3. , 15./16. , 8./15.])  
    Cdt = 0.5 #constant de temps  
    tau_beta = 1/beta  
    dt = Cdt*tau_beta  
  
    tmax = 160
```

```
# Llistes per als compartiments
```

```
SS=[] # susceptible  
II=[] # infectat  
RR=[] # recuperat  
DD=[] # mort  
tt=[] # temps
```

```
# Valors inicials
```

```
I=I0/N  
R=float(0)  
S=1-I
```

```
dSdt=0.  
dIdt=0.  
dRdt=0.
```

```
# Integrem
```

```
itmax=100000  
t=0.  
ds=0.  
SS,II,RR,tt = valors(S,I,R,t,SS,II,RR,tt)
```

```
for it in np.arange(itmax):
```

```
    dt_beta_ts = [i * dt for i in beta_ts]
```

```
    for itsub in np.arange(0,2):  
        dSdt = alpha_ts[itsub]*dSdt  
        dIdt = alpha_ts[itsub]*dIdt  
        dRdt = alpha_ts[itsub]*dRdt
```

Pandèmies: aplicacions del model SIR
Ismael Louafi

```
ds = alpha_ts[itsub]*ds

dSdt = dSdt - beta*I*S
dIdt = dIdt + beta*I*S - gamma*I
dRdt = dRdt + gamma*I
ds = ds + 1.

S = S + dt_beta_ts[itsub]*dSdt
I = I + dt_beta_ts[itsub]*dIdt
R = R + dt_beta_ts[itsub]*dRdt
t = t + dt_beta_ts[itsub]*ds

SS, II, RR, tt = valors(S, I, R, t, SS, II, RR, tt)

if ((it == itmax) or t > tmax):
    print(f'Final de la simulació: t = {np.int64(t):d} dies \n')

    # Aquí el que fem es separar els individus del compartiment recuperats
    # entre recuperats i morts segons la taxa de mortalitat

    C=(1-mu)*R
    D=mu*R

    print('Percentatge de la població no infectada, S
    =', np.int64(np.round(100*S)), '%')
    print('Percentatge de la població infectada, I
    =', np.int64(np.round(100*I)), '%')
    print('Percentatge de recuperats, R =', np.int64(np.round(100*R)), '%\n')

    print('Percentatge infectats al pic de la
    pandemia', np.int64(np.round(100*np.array(II).max())), '% \n')
    print(f'Número total de morts = {np.int64(np.round(D*N)):d}')

    break

    resultats = dict([('Susceptible', SS), ('Infectat', II), ('Recuperat',
    RR), ('Temps', tt)])

    return resultats

def grafics(poblacio, resultats):

    t=np.array(resultats['Temps'])
    S=np.array(resultats['Susceptible'])
```


Pandèmies: aplicacions del model SIR
Ismael Louafi

```
R=np.array(resultats['Recuperat'])
I=np.array(resultats['Infectat'])
N=poblacio['N']
I0=I[0]*N
R0=poblacio['R0']
gamma=poblacio['gamma']
tx2 = poblacio['tempsx2']

C=0.99*R
D=0.01*R

fig, ((ax1,ax2)) = plt.subplots(1,2,figsize=[16,5])

# Evolució de les poblacions

ax1.plot(t,100*S,color='blue',label='Susceptible')
ax1.plot(t,100*I,color='red',label='Infectat')
ax1.plot(t,100*C,color='green',label='Recuperat')
ax1.plot(t,100*D,color='black',label='Mort')

ax2.plot(t,N*(1-S),color='red',label='Infeccions')
ax2.plot(t,N*D,color='black',label='Morts')

# Sobreescriu la taxa exponencial inicial

label='TempsX2 = '+str(tx2)+' dies'
ax2.plot(t,I0*np.exp(gamma*(R0-1)*t),color='orange',linestyle='--',label=label)

# Comentaris i part estètica

ax1.set_xlabel("Dies")
ax1.set_ylabel("Població (%)")
ax1.legend()
ax1.set_xlim([0,t.max()])
strR0 = str((R0))+'.'+str(np.int64(10*(R0-np.int64(R0))))
title=poblacio['nom']+", $\\gamma=0.06,R_0=$"+strR0
ax1.set_title(title)
ax1.grid()

ax2.set_yscale("log")
ax2.set_ylim([I0/100.,1.5*N])
ax2.set_xlim([0,t.max()])
ax2.set_xlabel("Dies")
ax2.set_ylabel("Número acumulatiu de casos")
char = np.int64(np.log10(N))
mant = np.int64(np.round(10**(np.log10(N)-char)))
strlog = str(mant)+' x 10$^'+ str(char)+'$'
title=poblacio['nom']+", $N$="+strlog+", $I_0$="+ str(np.int64(I0))
ax2.set_title(title)
ax2.legend()
ax2.grid()

return
```

3.4 LIMITACIONS I PRESA DE DECISIONS

Aquest model aconsegueix visualitzar resultats força acurats dins de les limitacions que comporta predir tants factors i variables en el comportament dels individus entre els diferents compartiments. Si afegíssim paràmetres per a la mobilitat i distribuíssim la població en més compartiments adaptats al cas que voldríem esbrinar aconseguiríem millors resultats de predicció.

No obstant amb les dades que ens mostra podem remarcar la importància de les mesures de contenció per a disminuir les taxes de contagi i mortalitat. El model pot ajudar a la optimització en l'assignació de recursos com els llits als hospitals en donar dades com les morts i les possibles hospitalitzacions, a més de conèixer més clarament si les mesures com la quarantena o el distanciament social son efectius ja que no es tenen en compte en aquest model, és a dir que d'aquesta forma es valora l'escenari que hi hauria sense aquestes mesures i llavors saber si s'ha implementat correctament o no.

No obstant això, és important recordar que els models epidemiològics comporten abstraccions i simplificacions de la realitat i depenen en gran mesura de suposicions i de dades precises per a ser acurats en les seves prediccions. Cal afegir que la cooperació i la comunicació entre els experts en salut pública, els científics, els responsables de la presa de decisions i el públic en general són essencials perquè les prediccions i les mesures siguin efectives.

Quan tractem una malaltia infecciosa més simple sense no gaires factors que puguin alterar substancialment la dinàmica de la propagació el model compleix amb força exactitud, però quan la complexitat pels seus factors que involucra l'aparició d'un agent patògen és major, el model llavors té més problemes per a fer prediccions i en augmentar el temps a estimar aquest fet s'agreuja.

CONCLUSIONS

El model SIR tot i amb la seva simplicitat ha demostrat que pot funcionar força bé per a simular i entendre la immensa quantitat de factors i dinàmiques que es veuen durant una pandèmia. Per als casos amb una estimació de temps no gaire llunyana l'adaptació del SIR en Python ha demostrat funcionar millor que en els casos on es pretenia fer una previsió a un termini més llarg on el nombre reproductiu bàsic varia molt en el seu valor. També s'ha descobert que amb les simulacions podem fer un estudi força exhaustiu de pandèmies ja passades i així comprendre i analitzar de forma retrospectiva les polítiques i restriccions governamentals.

La realització del programa en Python ens permet l'execució del programa d'una forma simple i ràpida en un navegador. El programa té un marge de millora bastant gran, ja que a banda de poder implementar una forma del model SIR més complexa i que tingui en compte més factors i compartiments, també es poden implementar llibreries de Python amb dades i implementant intel·ligència artificial.

Es pot continuar investigant i implementant totes les novetats que es vagin succeint en el camp de l'epidemiologia, perquè és un camp que creix i millora a un ritme molt alt donada la importància que té el fet d'entendre com funcionen els brots epidèmics.

AGRAÏMENTS

M'agradaria donar les gràcies a Manuel Moreno per deixar-me fer el treball amb la seva idea, també per la seva paciència, material, idees i consells que m'ha donat.

BIBLIOGRAFIA

- [1] ORGANITZACIÓ MUNDIAL DE LA SALUT. *Cronologia: Resposta de l'OMS al COVID-19*
https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/interactive-timeline?gclid=Cj0KCQjw4ImEBhDFARIsAGOTMj_eF3GrBdGHTE23ddezMRGK83UpWFMC6Wz5Y-GNRcSdg1Dmc46RYWYaN_0EALw_wcB#! [Consultat 15/09/2023]
- [2] worldometer, *PANDÈMIA DE CORONAVIRUS COVID-19*
<https://www.worldometers.info/coronavirus/#countries> [Consultat 15/09/2023]
- [3] Compartmental models in epidemiology
https://en.wikipedia.org/wiki/Compartmental_models_in_epidemiology
[Consultat 15/09/2023]
- [4] Brauer, Fred. *Mathematical epidemiology: Past, present, and future*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6001967/> [Consultat 15/09/2023]
- [5] J. Gil Cuesta i J. Vaqué Rafart. Aspectos básicos de la transmisibilidad
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7140272/> [Consultat 15/09/2023]
- [6] Carsten Kirkeby, Tariq Halasa, Maya Gussmann, Nils Toft i Kaare Græsbøll.
Methods for estimating disease transmission rates: Evaluating the precision of Poisson regression and two novel methods
<https://www.nature.com/articles/s41598-017-09209-x> [Consultat 15/09/2023]
- [7] Gabriel Fabricius, Alberto Maltz. *Exploring the threshold of epidemic spreading for a stochastic SIR model with local and global contacts*
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378437119318035>
[Consultat 15/09/2023]

[8] Anqi Miao, Jian Zhang, Tongqian Zhang, B G Sampath Aruna Pradeep.

Threshold Dynamics of a Stochastic SIR Model with Vertical Transmission and Vaccination

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28761501/> [Consultat 15/09/2023]

[9] *Forerunners of mathematical epidemiology: John Snow (left), Sir Ronald Ross (centre), Anderson McKendrick (right).*

https://www.researchgate.net/figure/Forerunners-of-mathematical-epidemiology-John-Snow-left-Sir-Ronald-Ross-centre_fig1_307536753 [Consultat 15/09/2023]

[10] Python. Manual numpy

<https://numpy.org/doc/stable/reference/routines.html> [Consultat 15/09/2023]

[11] La librería Numpy

<https://aprendeconalf.es/docencia/python/manual/numpy/> [Consultat 15/09/2023]

[12] WIKIPEDIA. Nombre reproductiu bàsic

https://ca.wikipedia.org/wiki/Nombre_reproductiu_b%C3%A0sic

[Consultat 15/09/2023]

[13] WIKIPEDIA. Cas índex

https://ca.wikipedia.org/wiki/Cas_%C3%ADndex [Consultat 15/09/2023]

[14] Kevin Linka, Mathias Peirlinck, Ellen Kuhl.

The reproduction number of COVID-19 and its correlation with public health interventions

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7359536/pdf/nihpp-2020.05.01.20088047.pdf> [Consultat 15/09/2023]

[15] Dr. Maths. *Lecture 20 : Numerical Solution of SIR model*

<https://www.youtube.com/watch?v=qTUhLrwpIDs> [Consultat 15/09/2023]

[16] WIKIPEDIA. *Anderson Gray McKendrick*

https://en.wikipedia.org/wiki/Anderson_Gray_McKendrick [Consultat 15/09/2023]

[17] WIKIPEDIA. *Ronald Ross*

https://ca.wikipedia.org/wiki/Ronald_Ross [Consultat 15/09/2023]

[18] WIKIPEDIA. *1863–1875 cholera pandemic*

https://en.wikipedia.org/wiki/1863%E2%80%931875_cholera_pandemic

[Consultat 15/09/2023]

[19] PUBLIC HEALTH MADISON AND DANE COUNT. *¿Durante cuánto tiempo se es contagioso cuando se tiene COVID-19?*

<https://publichealthmdc.com/es/blog/durante-cuanto-tiempo-se-es-contagioso-cuando-se-tiene-covid-19> [Consultat 15/09/2023]

[20] *Pranati Rakshit , Soumen Kumar, Samad Noeiaghdam, Unai Fernandez-Gamiz, Mohamed Altanji, Shyam Sundar Santra. Modified SIR model for COVID-19 transmission dynamics: Simulation with case study of UK, US and India*

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2211379722005009>

[Consultat 15/09/2023]

ANNEX