

SIMULANT LA PROPERA PANDÈMIA

Treball fet per *Mic*

Curs: 2022-2023

Data d'entrega TDR: 28 de novembre de 2022

AGRAÏMENTS

Fer aquest treball ha estat un gran repte en què he hagut d'implicar-me molt i augmentar la meua capacitat d'autonomia. Tot i això, no puc negar l'enorme ajuda que he rebut per part del meu tutor, que m'ha donat molt suport, idees i consells i ha hagut de suportar les meves estupideses constants a les reunions. Gràcies a ell la meua idea imprecisa ha estat modelada fins aconseguir una cosa mínimament semblant a un treball de recerca seriós. Li he donat molta feina i igualment sempre estava disposat a ajudar-me. Segurament ell estarà més content que jo pel fet que per fi hagi acabat aquest projecte. Sigui com sigui, estic molt agraït per la seva implicació.

També vull agrair els meus amics, que m'han ajudat a provar el programa i informar-me d'errors. De no ser per ells, igual els conills podrien posar-se a ballar samba enmig de l'ecosistema sense que jo me n'assabentés.

Per últim, vull donar les gràcies a la meua família, que m'ha donat molt suport i ànims per fer aquest treball, tot i que la majoria no tenien ni idea de què anava. A vegades, jo tampoc.

Tot plegat, ha estat una de les experiències que he tingut.

RESUM I ABSTRACT

Gracias a la variabilidad genética, los seres vivos de los ecosistemas han ido evolucionando para adaptarse a los cambios de su entorno a lo largo de los milenios. A pesar de esto, el modelo de explotación agrícola y ganadero actual se basa en mantener la homogeneidad genética de plantas y animales. Esto podría ser la causa de problemas para la salud pública, como sería el inicio de una pandemia que pueda afectarnos a todos. Con los efectos del coronavirus aún presentes en la sociedad, ahora más que nunca es el momento de plantearnos modos de mejorar la situación sanitaria global. Así pues, para comprobar si realmente existe una relación entre la variabilidad genética y la transmisión de un virus, en este trabajo se diseña un programa informático en el que se pueden simular ecosistemas. Dentro de cada simulación hay un virus que interacciona con una población de animales cuya variabilidad es elegida por el usuario. Con este programa se demuestra que hay una relación directamente proporcional entre una variabilidad baja en una población y la aparición y propagación de epidemias que puedan afectar a humanos.

Because of genetic variability, living creatures have adapted for millennia to changes in their environment. However, the agricultural and livestock system most widely used nowadays is based on maintaining genetic homogeneity in plants and animals, which could be the source of new public health threats, such as a new epidemic that could affect us all. With the coronavirus' effects still present in our society, there's never been a better time to improve global health. As such, to determine whether genetic variability really does influence a virus' infection rate, a computer program has been developed as part of this project in which ecosystems can be simulated. Each simulation contains a virus which will interact with an animal population whose variability is chosen by the user. Using this program, it will be proven that there exists a directly proportional relation between low variability in a population and the appearance and spread of epidemics that could affect humans.

ÍNDEX

1. INTRODUCCIÓ	1
2. MARC TEÒRIC	2
2.1 Definició d'ecosistema	2
2.1.1 Elements que els formen	2
2.1.2 Tipus d'ecosistemes	3
2.2 Relacions entre espècies dels ecosistemes	3
2.2.1 Relacions tròfiques	3
2.2.1.1 Nivells tròfics	4
2.2.1.2 Cadena tròfica	4
2.2.2 Relacions biòtiques	5
2.2.2.1 Intraespecífiques	5
2.2.2.2 Interespecífiques	6
2.3 L'evolució neodarwinista	7
2.4 La variabilitat genètica en el model agrícola i ramader actual	9
2.5 Epidèmies	9
2.5.1 Patògens vírics	10
2.5.2 Infecció i salt entre espècies	10
3. HIPÒTESIS I OBJECTIUS	11
4. PART PRÀCTICA	12
4.1 Elaboració i funcionament del programa	12
4.1.1 Preparació d'una simulació	13
4.1.2 Interfície de la simulació	16
4.1.3 Biocenosis de l'ecosistema	17
4.1.3.1 Comportament individus	19
4.1.3.2 Comportament virus	22
4.1.3.3 Comportament humans	23
4.1.3.4 Comportament plantes	24
4.1.4 Dades de la simulació	24
4.2 Anàlisi de la influència de la variabilitat en la propagació d'un virus	25
5. CONCLUSIONS	39
6. GLOSSARI	41
7. WEBGRAFIA	42

1. INTRODUCCIÓ

Sempre he sentit una gran passió pel desenvolupament d'aplicacions informàtiques, així com la creació d'entitats digitals que presentin un comportament complex amb el qual puguin respondre al seu entorn.

És per això que vaig decidir que la base del meu treball seria la simulació digital d'un ecosistema on els animals evolucionessin segons les condicions del seu medi. Malgrat això, la idea era massa imprecisa i calia concretar més els objectius o trobar una manera de fer un disseny experimental amb el programa. Així doncs, finalment vaig arribar a la idea que en l'ecosistema aparegués un microorganisme infecciós que pogués iniciar una epidèmia que es pogués transmetre, al seu torn, a humans. Aleshores es podria fer ús del programa per determinar la relació entre la variabilitat genètica dins l'ecosistema i la transmissió del virus a humans.

Aquesta idea té especial rellevància actualment donada la recent pandèmia de coronavirus, i es pot extrapolar al model d'explotació que es du a terme a la ramaderia i agricultura avui dia en què la variabilitat genètica és gairebé nul·la. Amb aquest treball es podrà estudiar quina relació hi ha entre la manca de variabilitat en una població i la potencial transmissió de pandèmies futures a la nostra societat.

Per tant, en el marc teòric d'aquest treball s'explicarà què és un ecosistema i els seus components principals, així com la variabilitat genètica i l'evolució que comporta aquesta, i finalment es parlarà dels virus i de l'ús que es fa de la variabilitat genètica a la ramaderia intensiva. A continuació, per la part pràctica, hi haurà una descripció del programa i finalment s'explicarà l'experiment per posteriorment analitzar-ne les dades i extreure les conclusions finals del treball.

2. MARC TEÒRIC

2.1. Definició d'ecosistema

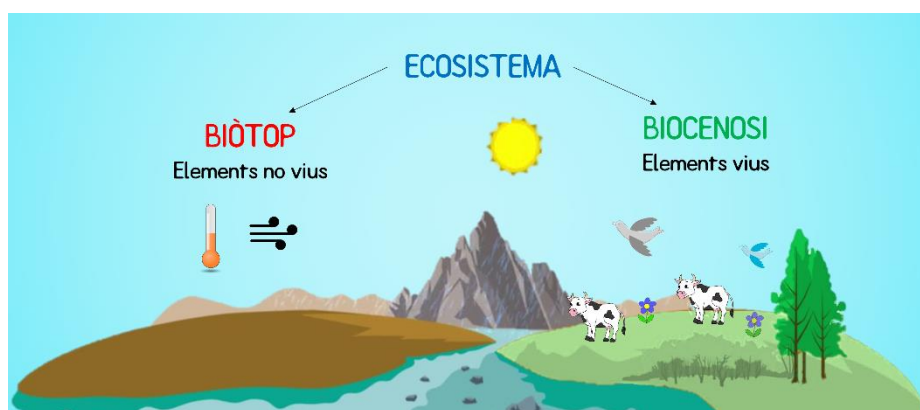
Aquest treball es basa en elaborar un programa informàtic on es simulin ecosistemes i posteriorment emprar-lo per fer un experiment sobre l'efecte de la variabilitat genètica en la transmissió d'epidèmies. És per això que cal entendre què és un ecosistema i quins són els seus components principals, ja que aquesta definició serà la base amb la qual es construirà l'aplicació.

Un ecosistema és un sistema biològic format per un espai concret i tots els éssers vius que hi viuen. Aquests éssers vius interactuen entre si, esdevenint-se així relacions entre espècies que finalment aporten a l'ecosistema un equilibri; i amb el medi, que presenta un comportament cíclic quant a matèria i nutrients que permet la subsistència del sistema.

Els ecosistemes presenten biodiversitat, que és la varietat d'éssers vius que hi viuen. Aquesta diversitat resulta de la variabilitat genètica gràcies a la qual les espècies canvien i s'adapten per millorar les seves probabilitats de supervivència. Així doncs, en teoria, un ecosistema amb molta variabilitat genètica té més facilitat de regulació davant canvis en el medi.

- **2.1.1. Elements que els formen**

Els ecosistemes estan formats per dos elements: els elements abiòtics o biòtop, i els elements biòtics o biocenosis. El biòtop està format per tots els factors físics i químics que són influents sobre el desenvolupament de l'ecosistema i total o parcialment necessaris pels éssers vius que hi habiten. Són exemples d'elements abiòtics l'aigua o l'oxigen, així com la temperatura i la humitat. D'altra banda, la biocenosis és el conjunt d'individus de totes les espècies que viuen als ecosistemes. Per tant, tot el que té vida en un ecosistema forma part de la biocenosi. En la imatge 1 podem veure un dibuix exemplificant les dues parts d'un ecosistema.



Imatge 1 – Dibuix d'un ecosistema amb el seu biòtop i biocenosi.

- **2.1.2. Tipus d'ecosistemes**

Els ecosistemes es poden classificar segons la regió geogràfica on es troben, així com les propietats físiques de la seva localització. Els principals tipus d'ecosistemes són els següents:

- Ecosistemes aquàtics. Són aquells ecosistemes on la biocenosis du a terme les seves funcions vitals en medis aquàtics, ja siguin d'aigua dolça o salada. Els ecosistemes d'aigua salada, o ecosistemes marins, són els més abundants ja que aproximadament el 70% de la superfície terrestre és oceà. Els d'aigua dolça són tots els altres cossos d'aigua, com ara rius, llacs o aqüífers subterranis.
- Ecosistemes terrestres. Són els ecosistemes en què els éssers vius habiten en el sòl o sota terra. Aquests ecosistemes presenten una biodiversitat generalment més àmplia que els aquàtics, principalment perquè tots els individus d'aquests últims han d'estar adaptats al medi aquós, que és més limitat. En canvi, els medis terrestres són molt variats i això ha permès l'aparició d'espècies resistents a condicions climàtiques extremes i amb tot tipus de mobilitats.

2.2. Relacions entre espècies dels ecosistemes

En el programa hi haurà diverses espècies amb comportaments diferents, per tant, és precís entendre quines relacions s'esdevenen entre elles.

Una espècie és un conjunt d'individus similars que al reproduir-se entre si tenen descendents fèrtils. Les espècies dels ecosistemes no viuen de forma independent les unes de les altres, sinó que entre elles hi ha unes relacions concretes mitjançant les quals es produeix un equilibri a l'ecosistema. Les relacions poden ser tròfiques, si depenen de com s'alimenten les espècies, o biòtiques, quan depenen del seu comportament unes amb altres.

- **2.2.1. Relacions tròfiques**

Per tal que els éssers vius visquin és imprescindible que tinguin accés a energia per nodrir-se. No tots els éssers vius n'obtenen de la mateixa manera, però, d'alguna manera o altra, al final tots acaben desprenent matèria o una part de la seva energia gràcies a la qual es nodreixen altres éssers vius i de la qual finalment depenen. Això són les relacions tròfiques entre espècies. La unió de totes les relacions tròfiques en un ecosistema es comporta de forma cíclica i s'anomena cadena tròfica, on cadascuna de les seves etapes són els nivells tròfics.

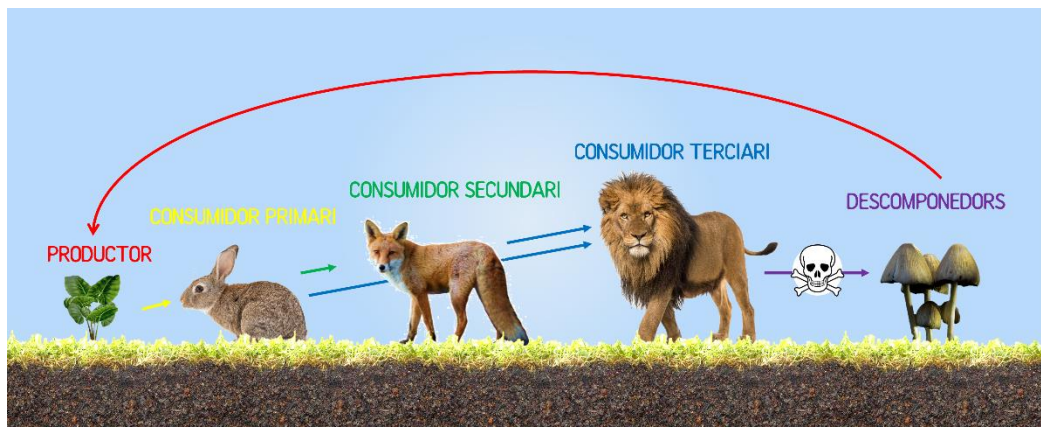
• 2.2.1.1. Nivells tròfics

En funció de com obtenen aliment, es pot classificar les espècies en heteròtrofes i autòtrofes. Les heteròtrofes són les que obtenen l'energia a partir de matèria orgànica¹, i les autòtrofes fan ús de matèria inorgànica², primordialment diòxid de carboni, per nodrir-se. Al seu torn, existeix també una classificació més específica, els nivells tròfics, segons quina posició ocupa l'espècie en el procés cíclic de nutrició. Els nivells tròfics són els següents:

- Productors. Són organismes autòtrofs que fan la fotosíntesi, és a dir, obtenen energia a partir de la llum solar. En aquest grup figuren les plantes, algues i alguns bacteris.
- Consumidors primaris. Són espècies heteròtrofes que es nodreixen de plantes, per tant, són fitòfagues, com els conills i els capibares.
- Consumidors secundaris. Són éssers vius heteròtrofs que s'alimenten de consumidors primaris, així doncs, són carnívors. Per exemple, les guineus.
- Consumidors terciaris. Són individus heteròtrofs i s'alimenten de consumidors primaris i secundaris. Un exemple de consumidor terciari és el lleó.
- Descomponedors. Són heteròtrofs i consumeixen restes d'organismes morts. Ho són els fongs i alguns insectes. Finalment desprenen matèria inorgànica amb la qual les plantes es nodreixen, tancant-se així el cicle de la matèria.

• 2.2.1.2. Cadena tròfica

Com s'ha dit en l'apartat anterior, cap nivell tròfic pot perdurar de forma independent, sinó que necessita de l'anterior grup per nodrir-se. Així doncs, es dona un cicle que s'anomena cadena tròfica i que és imprescindible per la subsistència de l'ecosistema. La imatge 2 ens mostra un exemple de cadena tròfica.



Imatge 2 – Exemple de cadena tròfica i els nivells tròfics de les diferents espècies.

- **2.2.2. Relacions biòtiques**

Els individus d'un ecosistema interactuen els uns amb els altres. Aquestes interaccions s'anomenen relacions biòtiques i es classifiquen en intraespecífiques, si són entre individus d'una mateixa espècie, i interespecífiques, quan són d'espècies diferents.

- ❖ **2.2.2.1. Intraespecífiques**

Les relacions intraespecífiques es donen quan la vida d'un individu es veu influïda per les accions d'un altre de la mateixa espècie. Es classifiquen de la següent manera:

Criteri de classificació	Classificacions
Segon la duració	Temporals – Duren un temps finit.
	Perennes – Duren tota la vida.
Segons el benefici	Cooperació – Hi ha un benefici mutu que busca facilitar l'obtenció d'aliments, protegir-se de depredadors, reproduir-se, etcètera.
	Competència – Hi ha rivalitats per menjar o espai que finalment donen a lloc la territorialitat, que és la tendència dels individus a defensar l'espai on viuen d'altres individus de la mateixa espècie, aconseguint així un espai on refugiar-se, alimentar-se o reproduir-se. La imatge 3 mostra un exemple d'una relació de competència, dos cérvols lluitant.
Segons la relació entre progenitors i descendència (En relacions de cooperació)	Associacions familiars - Es donen entre els progenitors i la descendència. Al seu torn, n'hi ha de diversos tipus: parental monògama, formada per un mascle, una femella i la descendència; parental polígama, formada per un mascle, diverses femelles i els fills; matriarcal, constituïda per femella i cries; patriarcal, on conviuen mascle i fills; i filial, que es dona quan només els fills

	viuen junts, abandonats pels progenitors.
	Associacions colonials - Es donen entre individus que sorgeixen de reproducció asexual d'un progenitor comú.
	Associacions gregàries - Són relacions que només es donen durant un temps concret, ja sigui per reproduir-se, migrar o altres objectius.
	Associacions estatals - Formen una societat jerarquizada. Els individus de les diferents categories solen ser fisiològicament diferents entre si. En la imatge 4 observem un exemple d'associació estatal, un rusc d'abelles.



Imatge 3 – Exemple d'una relació interespecífica de competència en dos cervols.



Imatge 4 – Exemple d'una relació interespecífica de cooperació; una associació estatal d'abelles.

❖ 2.2.2.2. Interespecífiques

Les relacions interespecífiques són les relacions on una espècie afecta a la vida d'una altra. En aquestes relacions les espècies poden quedar beneficiades, perjudicades, o poden no sortir ni d'una ni de l'altra manera. Hi ha diferents tipus de relacions interespecífiques. Els principals tipus, exemplificats en la imatge 5, són els següents:

- Competència. Es produeix entre dues espècies que ocupen el mateix nivell tròfic. Pot ser competència per explotació si competeixen per aliment o competència per interferència si competeixen per territori.
- Depredació. Els individus d'una espècie, els depredadors, surten beneficiats de la mort d'una altra, les preses, ja que se n'alimenten.

- Parasitisme. Una espècie, el paràsit, surt beneficiada vivint a costa de substàncies nutritives de l'altra espècie, l'hoste, que surt perjudicat però no mor.
- Inquilinisme. L'inquilí rep un benefici a l'aprofitar-se de l'hoste, el qual no surt ni perjudicat ni beneficiat.
- Tanatocresi. Una espècie es beneficia de les restes o cadàver d'una altra.
- Mutualisme. Es dona quan ambdues espècies surten beneficiades. Si aquesta relació arriba fins al punt que els individus no poden viure l'un sense l'altre, llavors es coneix com a simbiosi.



Imatge 5 – Exemples de relacions interespecífiques.

2.3. L'evolució neodarwinista

La base de l'experiment són els canvis que pateixen els individus amb el temps. És per això que entendre els mecanismes mitjançant els quals canvien els ecosistemes és imprescindible a l'hora de dissenyar el programa.

Els ecosistemes no són sistemes estàtics, sinó que van canviant amb el pas del temps. Quan s'hi produeix una alteració, ja sigui causada pel biòtop o la biocenosis, amb el pas del temps les espècies que hi viuen s'adapten a les pertorbacions mitjançant l'evolució, que és el procés mitjançant el qual les espècies varien i al llarg de moltes generacions es transformen en d'altres. Hi ha hagut moltes teories evolucionistes que han proposat diversos científics en els darrers segles, però la que avui dia es considera certa és la síntesi neodarwinista, que es basa en la teoria evolucionista de Charles Darwin però omplint forats que ell mateix va reconèixer que en desconeixia les causes amb coneixements més amplis de genètica.

Segons la teoria, en una població d'individus els recursos mai no són infinits, de manera que s'hi esdevé una constant lluita per la supervivència. Els individus que es reproduïen sexualment³, encara que siguin d'una mateixa espècie, no són exactament iguals els uns als altres. Els que es reproduïen asexualment⁴ la majoria són iguals els uns als altres, però es poden produir mutacions al reproduir-se. Conseqüentment, alguns d'aquests individus diferents tindran qualitats que els faran més adaptats per viure al medi en què es



Imatge 6 – Població de girafes, on una està més adaptada i pot accedir a les fulles altes.

troben, per tant, aquests seran els que presentaran més facilitat per sobreviure i conseqüentment reproduir-se que la resta, tot transmetent els seus gens a la descendència. Això queda il·lustrat en la imatge 6, on veiem tres girafes, una de les quals té el coll més llarg i pot accedir a les fulles més altes. Aquesta girafa està més adaptada, de manera que la seva supervivència és més probable que la de d'aquelles girafes que tinguin el coll curt. Aquest procés d'eliminació dels individus menys adaptats es coneix com a selecció natural. Amb això, els individus amb característiques més aptes aniran substituint els menys adaptats fins que les espècies acaben variant amb el temps.

La teoria original de Darwin no explica quines són les causes de la variabilitat, però avui dia es sap que el seu origen és la variabilitat genètica, que és la quantificació de diferències entre individus. A més variabilitat genètica, més diferents són els éssers vius d'una població i viceversa. La variabilitat ve donada per tres processos, les mutacions, la segregació a l'atzar de cromosomes homòlegs⁵ i la recombinació⁶, i tots tenen lloc a l'ADN (àcid desoxiribonucleic), una molècula que es troba en tots els éssers vius i que conté la informació genètica de l'individu per transmetre-la a la descendència. Les mutacions són canvis fortuïts i atzarosos que pot patir l'ADN de tots els éssers vius i que poden beneficiar o perjudicar a l'individu; mentre que la recombinació i segregació a l'atzar de cromosomes homòlegs es dona en espècies que es reproduïen de forma sexual quan generen gàmetes⁷. Es pot assumir que l'evolució únicament genera individus que poden sobreviure millor al seu entorn, però no és exactament així: l'evolució afavoreix els individus que presenten millors característiques pel seu medi, tot eliminant la resta. En altres paraules, un mateix canvi pot ser perjudicial o beneficiós en funció del medi on visqui l'animal.

El procés evolutiu triga molts anys i moltes generacions, però és gràcies a la acumulació de petits canvis en éssers vius durant mil·lennis que avui dia existeixen tantes espècies diferents unes a altres. De fet, les espècies que són similars entre si probablement sigui perquè tenen un avantpassat comú més recent, és a dir, han evolucionat fa relativament poc.

És per això que sembla raonable pensar que una població amb molta variabilitat genètica presentarà més facilitat d'evolucionar per resistir els canvis al seu medi i més dificultats d'extingir-se.

2.4. La variabilitat genètica en el model agrícola i ramader actual

Avui dia, en la ramaderia i l'agricultura s'abusa de l'homogeneïtat genètica per mantenir la uniformitat dels individus d'una sola espècie, ja sigui vegetal o animal. Normalment la finalitat d'aquesta tècnica és la producció de producte amb eficiència màxima i despeses mínimes. Això es deu al fet que si tots els individus són pràcticament idèntics, el tracte que cadascun rebrà també serà el mateix, de manera que resulta molt més senzill estimar la quantitat d'aigua, aliment o altres productes que cal adquirir perquè creixin adequadament, així com tractar-los. És senzill figurar-s'ho en el context de la plantació, reg i collita de vegetals, però també s'aplica en animals a l'hora del naixement i durant l'encebament. La homogeneïtat s'obté amb la reproducció selectiva dels millors exemplars, ja sigui basant-se en la qualitat del producte final o en la facilitat de producció d'aquest, com podrien ser la reproducció selectiva de les vaques que tinguin la carn més tendra o de les tomaqueres que més ràpidament creixin, respectivament.

És difícil concloure si aquesta pràctica resulta útil o perjudicial pels humans a llarg termini, ja que proporciona aliment a la majoria de la població, però el fet que presentin la variabilitat genètica tan baixa podria ser problemàtic per la salut pública. Per aquest motiu, un cop s'obtinguin resultats amb l'experiment, aquests es podran extrapolar a les indústries ramaderes i d'agricultura per finalment concloure si aquestes són perjudicials o beneficioses per la humanitat.

2.5. Epidèmies

Una epidèmia té lloc quan una malaltia infecta ràpidament a molts individus d'una població en un lapse de temps relativament breu. Si una epidèmia creix descontroladament fins el punt que arriba a la major part de zones geogràfiques del planeta, llavors es coneix com a pandèmia.

Les epidèmies normalment són causades per malalties infeccioses, és a dir, aquelles causades per un microorganisme que pot ser un bacteri, virus, fong, protozou, etcètera. En aquest treball s'estudiaran els patògens vírics per posteriorment fer-ne una correcta representació en el programa i l'experiment.

- **2.5.1. Patògens vírics**

Els patògens vírics són tots aquells virus que produeixen malalties a l'entrar a un ésser viu. Els virus, biològicament parlant, no es consideren éssers vius, sinó paràsits intracel·lulars obligats, ja que són incapaços de reproduir-se i nodrir-se sense envair cap cèl·lula. Un cop infectada una, es reproduïxen molt ràpidament, normalment aprofitant-se de la cèl·lula d'alguna manera. Aquests nous virus seran expulsats per l'individu amb diferents processos en funció de quin virus es tracti, per exemple, els virus respiratoris són expulsats mitjançant la tos, tot permetent que les noves còpies puguin infectar altres individus. És per això que una epidèmia vírica sol ser exponencial, ja que com més individus infectats hi hagi, més senzill és que d'altres s'infectin també. També es pot afirmar que, en general, les epidèmies s'expandeixen amb més velocitat com més reduïda sigui la distància entre els individus.

- **2.5.2. Infecció i salt entre espècies**

La infecció es produeix quan el microorganisme aconsegueix superar les barreres de defensa d'un individu i entrar-hi a l'interior, on es reproduïx i li pot causar danys. Les potencials vies d'entrada d'un patògen en els éssers vius presenten mecanismes de defensa com ara la saliva, la qual es caracteritza perquè té un comportament àcid que pot matar alguns microorganismes i impedir-ne l'accés al cos. Aquests sistemes varien d'espècie en espècie, però també poden variar d'individu a individu per la variabilitat. Això implica que alguns virus tenen més facilitat per infectar organismes d'una espècie que d'altres, i que els individus es poden adaptar i evolucionar per resistir millor un virus concret. Els virus, però, si es reproduïxen molt, com seria el cas d'una epidèmia, poden mutar i donar lloc a noves variants que puguin transmetre's a altres espècies. Aquest fenomen s'ha produït moltes vegades al llarg de la història: l'exemple més paradigmàtic és la recent pandèmia de la malaltia causada pel virus SARS-CoV-2, que probablement va saltar a humans des de ratpenats o pangolins. Moltes altres malalties, com la SIDA, que possiblement prové de ximpanzés d'Àfrica; o l'EEB (Malaltia de les vaques boges), que va iniciar una epidèmia a granges de Gran Bretanya, també van saltar d'animals a humans.

Es pot afirmar, doncs, que l'expansió d'un virus en una població d'animals pot acabar sent altament perjudicial per humans si no es controla amb prou rapidesa i eficiència. És fonamental actuar quan es produeixen brots de malalties en granges i zones d'indústria ramadera per evitar conseqüències a nivell global.

3. HIPÒTESI I OBJECTIUS

Amb els continguts de la part teòrica, podem afirmar que els ecosistemes són sistemes complexos on s'esdevenen relacions molt concretes entre espècies que finalment hi proporcionen un equilibri. Aquest equilibri és molt fi, però els éssers vius tenen la capacitat d'adaptar-se als canvis i evolucionar gràcies a la variabilitat genètica. De fet, és gràcies a l'evolució que existeix tanta biodiversitat a tot el món.

És per aquest motiu que el model ramader d'avui dia podria resultar un gran perill per la nostra societat en el futur. Si un virus arribés a una granja ramadera, donada la baixa variabilitat dels animals, sembla raonable pensar que la velocitat d'expansió del virus podria ser anormalment alta, tot facilitant la potencial transmissió del virus a humans.

Els efectes de la recent pandèmia de coronavirus encara estan presents a la nostra societat. Si això ens indica alguna cosa, és que la nostra societat no disposa de la preparació adequada per resistir una nova situació com aquesta. Per tant, ara més que mai és el moment d'analitzar la manera en què interactuem amb els animals i plantes per identificar potencials riscos a la salut global.

Per aquest motiu, en aquest treball es vol estudiar la relació entre la variabilitat genètica i l'expansió d'un virus en una població i el potencial salt d'aquest a humans.

S'han plantejat les següents hipòtesis. Davant d'una epidèmia vírica:

- Segurament les espècies s'adaptaran i evolucionaran per resistir al virus, i probablement hi haurà una relació directament proporcional entre la variabilitat genètica i la velocitat d'adaptació: a més variabilitat més ràpid s'adaptaran, i viceversa; de manera que l'expansió del virus serà menor si hi ha més variabilitat.
- Independentment de la probabilitat d'infecció dels humans, aquests trigaran més a infectar-se si la variabilitat genètica de la resta d'espècies és major.

També s'han plantejat una sèrie d'objectius:

- Com a objectiu principal, elaborar un programa informàtic on es simulin ecosistemes amb un virus a partir dels coneixements de la part teòrica i emprar-lo per fer un experiment amb el qual es validin o refutin les hipòtesis.
- Secundàriament, utilitzar els resultats de l'experiment per contrastar els avantatges i inconvenients del model ramader actual i finalment determinar si a llarg termini resulta beneficiós o perjudicial.

4. PART PRÀCTICA

Gràcies als coneixements de la part teòrica, podem afirmar que les granges ramaderes són zones amb poca variabilitat genètica, per tant, teòricament tenen més dificultat per adaptar-se a alteracions com podria ser una epidèmia vírica. La vulnerabilitat d'aquests animals davant del virus seria molt alta, ja que amb que s'infectin pocs, el virus s'expandirà a tota la resta molt fàcilment i podria acabar saltant a humans, tot originant una pandèmia.

La part pràctica d'aquest treball consisteix a estudiar si la variabilitat genètica realment té un impacte sobre la velocitat d'adaptació de les espècies i sobre la transmissió d'epidèmies, i quines implicacions podria tenir això per la salut global. Per comprovar-ho, s'ha elaborat un programa informàtic on es simulen ecosistemes en què un virus infectarà a una població d'animals i podrà acabar saltant a humans. Si bé el programa no és molt complex ni realista, igualment s'emprarà per l'experiment i s'assumirà que és una representació fidel de la realitat. Un cop s'extreguin resultats, aquests s'extrapolaran a les situacions de ramaderia intensiva per finalment determinar si aquestes presenten un risc a la salut pública a llarg termini. Així doncs, la part pràctica estarà estructurada en dues seccions: l'explicació del programa i les dades de l'experiment.

4.1. Elaboració i funcionament del programa

Per fer el programa s'ha fet us de diverses aplicacions. La més útil ha estat *Unity*, una eina per crear programes en tres dimensions. *Unity* ha servit per unir tots els arxius visuals, de so i codi, així com per crear la interfície del programa i finalment compilar-lo, és a dir, generar l'executable.

També s'ha fet us de *Visual Studio* per fer la programació, això és, escriure tot el codi que dicta el comportament dels animals, menús, etcètera. El llenguatge de programació emprat és *C#*, ja que és l'únic que *Unity* accepta. En total, el programa consta de més de tres mil línies de codi.

Quant als visuals, s'ha optat per un estil simplista i minimalista amb colors generalment suaus. Els models 3D de l'escenari i dels diferents animals són bàsics i molt poligonals. Això, fora d'encaixar amb l'estil que es busca, resulta molt important de cara al rendiment del programa: com el programa està ideat per poder fer simulacions amb potencialment centenars d'individus que han d'estar activament executant codi, en tot moment va ser una prioritat assegurar-se que no hi hagi cap problema de rendiment a fi que es pugui executar l'aplicació en qualsevol ordinador. Com a conseqüència d'això, els models han de ser simplistes per tal de reduir el màxim possible l'esforç que ha de fer l'ordinador per renderitzar en tot moment l'escenari.

El desenvolupament de l'aplicació va començar l'abril del 2022 i va acabar el 25 de novembre de 2022, tot i que es van fer alguns canvis abans de l'entrega als premis, acabant el 26 de febrer del 2023. Es pot descarregar l'aplicació a través d'aquest enllaç: <https://github.com/bc-gracia-escolateresiana/TDR-Simulacio/releases>. També es pot accedir al codi del programa i els arxius que el constitueixen en la mateixa pàgina.

- **4.1.1. Preparació d'una simulació**

A l'obrir el programa apareix el logotip de *Unity* durant uns segons. Després es mostra el menú principal, que es mostra a la imatge 7. Des d'aquest menú, es poden començar els preparatoris per iniciar una nova simulació.



Imatge 7 – El menú principal del programa.

Al prémer el botó Començar, apareix un nou menú on l'usuari ha de fixar certs paràmetres sobre la simulació. Aquest menú correspon a la imatge 8. Els paràmetres a fixar són els següents:

- Nom: El nom que tindrà la simulació.
- Ubicació: En el menú apareix un explorador d'arxius que inicialment mostra el directori *[Directori del programa]/Simulacions*. No es pot seleccionar cap carpeta anterior a aquesta, però es poden crear noves subcarpetes des del programa per ajudar l'usuari a ordenar i organitzar les simulacions. A l'acabar la simulació, es desarà un arxiu amb el nom seleccionat en la ubicació escollida. Aquest arxiu contindrà les dades de la simulació que es podran analitzar posteriorment.

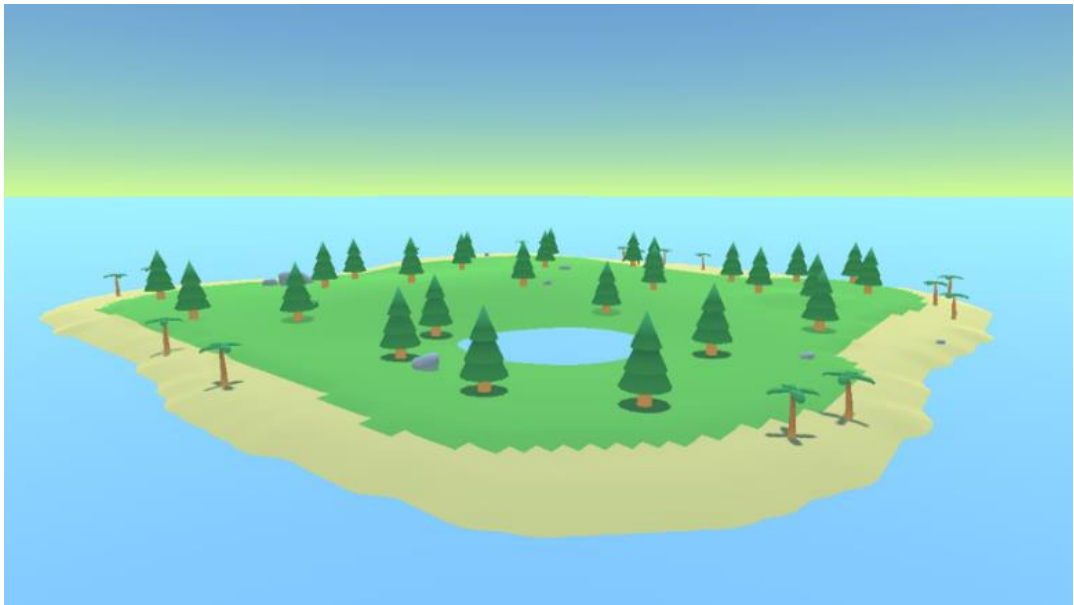
- **Individus inicials:** Es mostren dues llistes separades, la llista d'espècies predeterminades i la d'espècies personalitzades. L'usuari pot alternar entre aquestes dues llistes i triar amb quants individus de cada espècie començarà la simulació, amb un màxim de 100 individus per espècie. Si es manté *[Shift]* a l'afegir o treure individus, el nombre canviarà de cinc en cinc. Si es deixa premut *[Control]*, ho farà de deu en deu. I si es deixen les dues tecles premudes a la vegada, variarà de cinquanta en cinquanta. Des de la llista d'espècies personalitzades, es poden crear noves espècies i editar les que ja existeixen. Es donaran més detalls sobre les espècies personalitzades en apartats següents. Les espècies predeterminades no es poden modificar ni se'n poden crear de noves.
- **Temps màxim:** El temps màxim només pren valors predeterminats: Sense temps màxim, 10 minuts, 20 minuts, 30 minuts, 1 hora, 2 hores, 3 hores, 5 hores i 10 hores. La simulació s'aturarà automàticament quan passi aquest temps.
- **Percentatge de variabilitat genètica:** Es pot establir a qualsevol nombre entre 0 i 100, incloent decimals. La funció d'aquest percentatge s'explicarà en apartats següents.
- **Percentatge d'infecció d'humans.** Els humans tindran aquesta probabilitat d'infectar-se a l'entrar a un radi d'infecció.



Imatge 8 – Menú on es configura una nova simulació.

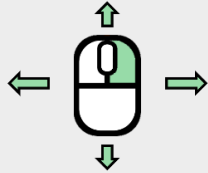
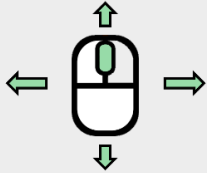
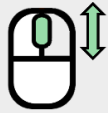
Un cop fixats els paràmetres, la simulació inicia. Apareix una nova pantalla amb l'escenari, que sempre és el mateix: una petita illa rodejada d'un oceà, com s'aprecia a la imatge 9. S'ha escollit aquest escenari ja que una illa és una zona amb una clara limitació geogràfica, el mar, tot fent que els animals quedin contextualitzadament aïllats. A l'iniciar la simulació, els individus escollits per l'usuari apareixen distribuïts per

l'escenari, juntament amb dues plantes. A l'escenari hi ha un cicle de dies conforme el sol gira i es fa de nit, cada dia dura 10 minuts. Aquest cicle és totalment cosmètic i no té cap efecte en el comportament dels individus.



Imatge 9 – L'escenari en tot el seu esplendor.

L'usuari pot controlar la càmera, és a dir, canviar quina part de l'escenari es veu en cada moment. Per girar la càmera sobre si mateixa, cal mantenir premut el botó dret del ratolí i moure'l. Per desplaçar-la horitzontal i verticalment (relativament a la seva rotació actual), s'ha de deixar premut el botó de la roda del ratolí i moure'l, o prémer [A] i [D] per moure-la a l'esquerra o la dreta, respectivament. Per avançar la càmera cap endavant o darrera, es pot prémer [W] o [S], respectivament; o també es pot girar la roda del ratolí. Qualsevol moviment de la càmera s'efectua al doble de velocitat si es deixa premut [Shift]. Els controls de la càmera estan representats de manera gràfica en la taula 1. Els controls també apareixen en el programa a la interfície durant les simulacions.

	Girar la càmera	Desplaçar la càmera	Avançar i retrocedir
Ratolí			
Teclat	-	[A] [D]	[W] [S]

Taula 1 – Els controls de la càmera.

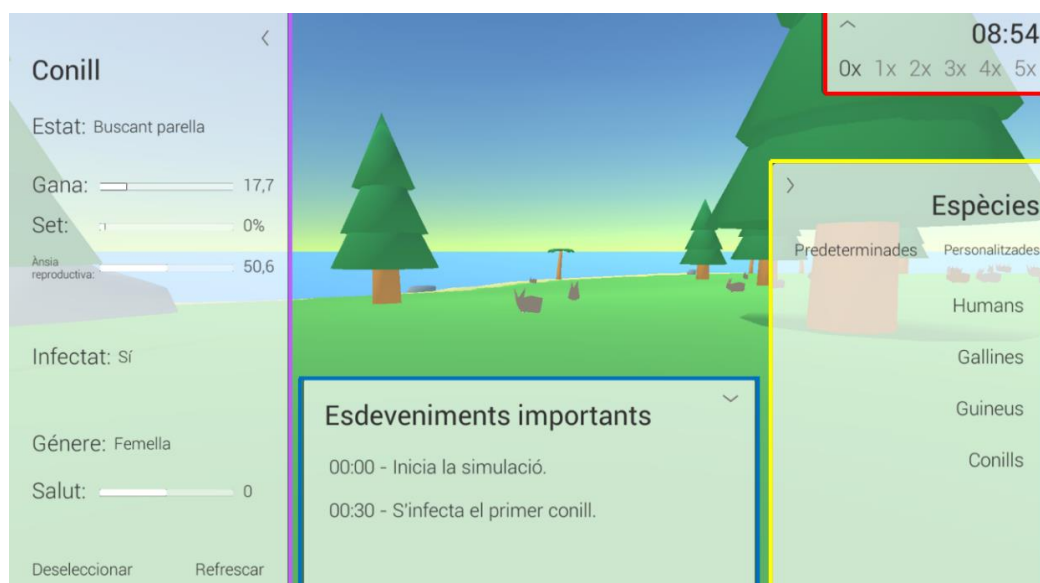
Per seleccionar individus, cal fer-ne clic esquerre a un. Aquest individu queda marcat amb una brillantor blanca. Si l'usuari selecciona un altre individu, el primer deixa d'estar seleccionat. Si es prem la tecla [F], la càmera es posiciona automàticament per enfocar de prop l'individu seleccionat, si és que n'hi ha un.

Per controlar el temps, es poden prémer els botons de temps de la interfície o es poden prémer les tecles [1], [2], [3], [4] o [5] per posar la velocitat respectiva de temps. És important mencionar que si la velocitat del temps és prou elevada, el programa presentarà més dificultats de rendiment, de manera que no és recomanable seleccionar velocitats més elevades de 2, especialment en ordinadors poc potents o si hi ha molts individus a l'escenari.

Si es prem el botó de pausa o la tecla [Espai], la simulació s'atura. Si es torna a prémer el botó, continua a la mateixa velocitat a què anava el temps. Si es prem [Esc], la simulació s'atura i apareix un menú amb què es pot sortir de la simulació, ja sigui desant-la o no.

• 4.1.2. Interfície de la simulació

La interfície de la simulació consta de quatre seccions principals: la secció de temps, la secció d'individu, la secció d'esdeveniments importants i la secció d'espècies. Com es mostra en la imatge 10, es troben a la vora superior dreta de la pantalla, a la vora esquerra, a la zona inferior central i a la vora inferior dreta de la pantalla, respectivament. Totes es poden desplegar i replegar amb botons que apareixen a les seves vores.



Imatge 10 – La interfície de la simulació. La secció de temps està marcada en vermell, la secció d'individu en lila, la secció d'esdeveniments importants en blau i la secció d'espècies en groc.

La secció de temps permet a l'usuari veure quant temps porta executant-se la simulació i canviar la velocitat del temps entre les cinc possibles, així com aturar o continuar la simulació. Es pot veure en la imatge 10 un exemple d'una simulació que porta aproximadament nou minuts executant-se.

La secció d'individu mostra a l'usuari informació rellevant de l'individu seleccionat, si n'hi ha. Mostra el nom de la seva espècie, el seu estat, la seva gana i ànsia reproductiva, així com si està infectat pel virus, el seu gènere i el seu gen de salut. També apareixen dos botons amb els quals es pot actualitzar la informació i deseleccionar l'individu. En la imatge 10 es pot apreciar un exemple d'aquesta secció amb la informació d'un conill femella.

La secció d'esdeveniments importants mostra la llista dels fets més destacables de la simulació ordenats per temps, del més antic al més recent. Això inclou l'inici de la simulació, la infecció del primer individu d'una espècie, l'extinció d'una espècie i el fi de la simulació. Si la secció està replegada, igualment apareixerà durant 5 segons un text a la zona inferior central de la pantalla quan succeeixi un esdeveniment important.

La secció d'espècies inicialment mostra la llista d'espècies. Si es fa clic a una, l'usuari pot veure tres gràfics: en el primer es representa el nombre d'individus vius que té l'espècie i els seus infectats en funció del temps; en el segon apareix el percentatge d'infectats respecte el temps; i en el darrer l'usuari pot veure la mitjana de gens de salut dels individus de l'espècie amb el temps. Recopilar tota la informació és un procés que pot ser complicat per l'ordinador, per tant, atenent el rendiment no interessa executar-lo freqüentment, de manera que la recopilació de dades es fa cada trenta segons.

• 4.1.3. Biocenosis de l'ecosistema

A cada espècie animal li correspon un arxiu *JSON* ⁸, que conté tots els paràmetres constants a cada individu d'aquesta espècie. Aquests paràmetres són els següents:

- ID: És un nombre enter positiu que serveix com a identificador de l'espècie. La primera espècie té l'ID 0, la segona té l'ID 1, i així successivament.
- Nom en singular i en plural i gènere de l'article: 0 si és masculí (el conill), 1 si és femení (la gallina).
- Dieta: La llista d'IDs de les espècies que formen part de la dieta. Si no hi ha cap l'espècie és herbívora.
- Velocitat al caminar.

- Velocitat de fam i ganes de reproduir-se: El percentatge de gana i ànsia reproductiva que s'afegeix a l'individu cada segon.
- Temps de gestació.
- Fills màxims i mínims per gestació.
- Temps de desenvolupament cries. Quan els progenitors tenen cries, durant aquest temps, les cries són més petites, caminen més lentament, no es poden infectar pel virus i no tenen ànsia reproductiva.

Hi ha quatre espècies en el programa, que en ordre ascendent d'ID són: humans, gallines, guineus i conills. En la taula 2 es mostren els paràmetres de cadascuna.

ID	0	1	2	3
Nom en singular	Humà	Gallina	Guineu	Conill
Nom en plural	Humans	Gallines	Guineus	Conills
Gènere article	0 (El)	1 (La)	1 (La)	0 (El)
Dieta	1, 3	- (Herbívor)	1, 3	- (Herbívor)
Velocitat al caminar	4,81 unitats/segon	2,05 unitats/segon	5 unitats/segon	10,1 unitats/segon
Velocitat de fam	0,2 %/s	0,82 %/s	0,4 %/s	1 %/s
Velocitat de ganes de reproduir-se	0,1 %/s	0,2 %/s	0,25 %/s	0,4 %/s
Temps de gestació	90 segons	30 segons	30 segons	60 segons
Fills per gestació	1	1	Entre 1 i 5	Entre 2 i 4
Temps desenvolupament cries	30 segons	10 segons	20 segons	10 segons

Taula 2 – Els paràmetres d'espècie de les espècies predeterminades.

❖ 4.1.3.1. Comportament individus

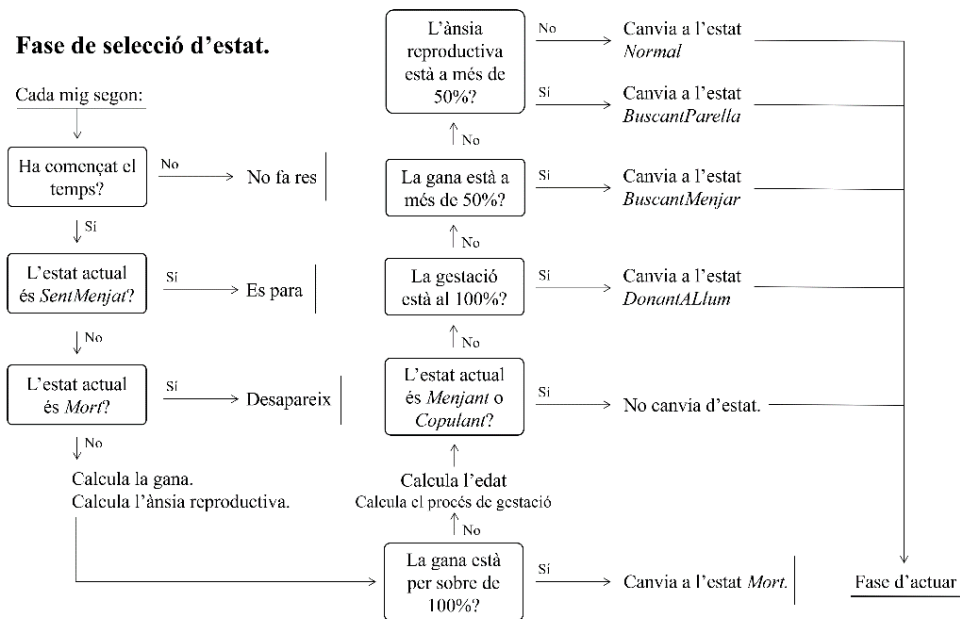
A cada individu li corresponen uns paràmetres d'espècie que obté mitjançant un ID específic de cada model d'animal. És a dir, al model 3D de la gallina li correspon l'ID 1, per tant, cada vegada que es generi el model d'una gallina, aquesta agafarà els paràmetres d'espècie corresponent a l'espècie amb ID 1. A més d'això, cada individu té un genoma i un estat. L'estat és una variable que pren valors concrets i és la base del comportament dels individus. Els estats possibles són: *Normal*, *BuscantMenjar*, *Menjant*, *BuscantParella*, *Copulant*, *DonantALLum*, *SentMenjat* i *Mort*. El genoma conté el gènere de l'animal i el seu gen de salut, que és un nombre entre -1 i 1 i que es pot visualitzar en el disseny de l'animal: com més clars siguin els seus colors, més alt és el gen de salut i viceversa. Per últim, els individus també tenen nivells de gana, d'ànima reproductiva, d'edat, de gestació i de malaltia.

El comportament dels individus es dona en dos fases: la fase de selecció d'estat i la fase d'actuar. Aquestes dues fases per si soles no són particularment difícils per l'ordinador, però si hi ha moltes espècies executant-les constantment, llavors pot ser un problema pel rendiment, de manera que els individus només duen a terme aquestes funcions, primer una i després l'altra, cada mig segon.

En la fase de selecció d'estat l'individu pren en consideració l'últim estat que ha pres, els seus paràmetres vitals i informació general de la simulació per decidir en quin estat ha d'ésser, tot tenint en compte un ordre de prioritats establert arbitràriament. La imatge 11 mostra un diagrama per facilitar la comprensió d'aquesta fase.

1. Es comprova que el temps hagi començat, en altres paraules, si la simulació ja està carregada i preparada. Si no es compleix, no fa res i no passa a la fase d'actuar.
2. Si l'últim estat que ha pres és *SentMenjat*, es para i no passa a la fase d'actuar.
3. Si l'últim estat que ha pres és *Mort*, desapareix i no passa a la fase d'actuar.
4. Si l'individu no està en l'estat *Menjant*, se li suma al seu nivell de gana el paràmetre d'espècie de Velocitat de fam; i si l'individu no està en l'estat *Copulant*, no està gestant i és adult, se li afegeix al nivell d'ànima reproductiva el paràmetre d'espècie Velocitat ganes reproducció. Si el nivell de gana arriba a 100%, es posa en estat *Mort* i no passa a la fase d'actuar.

5. Si l'individu no és adult, s'afegeix al nivell d'edat el valor que dicta el paràmetre d'espècie Temps desenvolupament cries, i el model canvia de mida conforme l'edat.
6. Si està gestant, es suma 1 al nivell de gestació i es comprova si s'ha arribat al paràmetre d'espècie Temps de gestació. Si és el cas, es posa en estat *DonantALLum* i enceta la fase d'actuar.
7. Si té més de 50% de gana, l'estat esdevé *BuscantMenjar* i passa a la fase d'actuar.
8. Si té més de 50% d'ànsia reproductiva, l'estat passa a ser *BuscantParella* i procedeix amb la fase d'actuar.
9. Si cap de les condicions anteriors s'ha complert, l'estat esdevé *Normal* i comença la fase d'actuar. Tot i això, si l'individu està en estat *Menjant*, *Copulant* o *DonantALLum*, el seu estat no canvia i passa directament a la fase d'actuar, ja que aquests estats només canvien quan finalitzen les seves accions respectives, cosa que es determina a la segona fase.

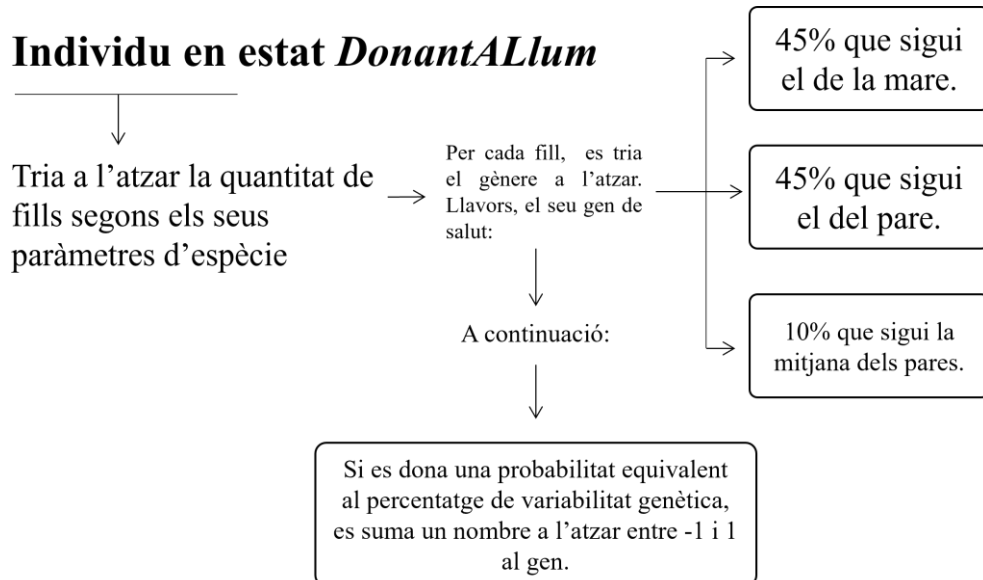


Imatge 11 – Diagrama de la fase de selecció d'estat.

La fase d'actuar, que s'executa seguidament de la fase de selecció d'estat cada mig segon, dicta què ha de fer l'individu conforme l'estat que ha pres en la fase anterior. En aquesta fase l'estat també pot canviar, però el canvi no s'aplica fins que es tornin a executar les fases.

- Si l'estat és *Normal*, l'individu camina cap a un punt a l'atzar de l'escenari que canvia cada un interval de temps entre 5 i 20 segons.
- Si està en estat *BuscantMenjar*, primerament agafa informació de totes les plantes i animals que té en un radi al seu voltant i posteriorment la filtra, tot eliminant les espècies que no figuren a la seva dieta o les plantes si no és herbívor. Si no ha trobat res per menjar, camina a un punt a l'atzar. Si n'ha trobat, determina quin aliment és el més proper i hi va. Un cop hi arriba, canvia a l'estat *Menjant*. Si l'aliment és un altre animal, l'estat d'aquest passarà a ser *SentMenjat*.
- Tot el que es pot menjar en el programa té dos valors de consumible: les vegades que es pot consumir i la gana que treu cada vegada. Si un individu té l'estat *Menjant*, aquest perd el percentatge de gana que el consumible treu per cop. Això es repeteix cada cop que s'executa la fase d'actuar fins que s'acaben les vegades que es pot consumir, i aleshores l'individu passa a l'estat *Normal*. Si el consumible era un individu, aquest passa a l'estat *Mort*.
- Quan l'estat d'un individu és *BuscantParella*, inicialment busca informació dels individus que té en un radi al seu voltant. Després filtra la informació per eliminar els individus que no són de la mateixa espècie i els que sí que ho són, però són del mateix gènere, no són adults, estan gestant o no estan buscant parella en aquell moment. Si no troba cap individu amb qui aparellar-se, camina a l'atzar. Si n'ha trobat algun, camina cap a l'individu que compleixi els requisits més proper. Un cop s'hi troba a prou distància, els dos entren a l'estat *Copulant*.
- En l'estat *Copulant*, les ànsies reproductives dels dos individus baixen de cinc en cinc fins que arriben a zero. Aleshores els dos passen a tenir l'estat *Normal* i la femella comença la gestació.
- Si un individu presenta l'estat *DonantALLum*, tria un nombre de fills a l'atzar segons els seus paràmetres d'espècie. Llavors, per cada fill, primerament es tria el model corresponent a l'ID de la mare per tal que el fill sigui de la mateixa espècie. Aleshores es determina el seu genoma amb el procediment de la meiosi⁹, que es mostra de forma esquemàtica a la imatge 12. Aquest procediment tria un gènere a l'atzar amb igual probabilitat de mascle i femella i després determina el valor del gen de salut pel fill. Hi ha un 45% de probabilitat que sigui el gen del pare, un 45% que sigui el de la mare i un 10% que sigui la mitjana dels valors dels dos. De forma independent a això, hi ha una probabilitat de que el gen muti. Aquesta probabilitat correspon a la variabilitat genètica escollida per l'usuari a

l'inici de la simulació. Si es dona la probabilitat, al gen s'hi sumarà un nombre entre -1 i 1. Finalment, el gen es constreny entre els valors -1 i 1. Amb el genoma del fill preparat, finalment es genera el nou individu, tot apareixent a sota la mare i començant la seva vida amb edat 0. La mare passa a l'estat *Normal*.



Imatge 12 – Diagrama del procés de donar a llum a nous individus.

❖ 4.1.3.2. Comportament virus

Cada simulació presenta un virus, idèntic en totes. Una vegada passats trenta segons de la simulació, un individu a l'atzar s'infecta amb el virus. A més d'això, en un punt concret de l'escenari, que també és el mateix en cada simulació, hi haurà un focus d'infecció per tal que si tots els individus infectats moren, encara hi hagi una possibilitat que continuï l'epidèmia. Aquesta zona infecciosa mai no es mou ni perd el seu efecte infecciós. Tots els radis infecciosos són esferes invisibles, però a fi de permetre a l'usuari veure on es troba el virus, els individus infectats i el punt infecciós emeten bombolles verdes cada pocs segons per poder-los localitzar.

El gen de salut dels individus determina com interactuen amb el virus. Els individus inicials tenen tots el gen amb valor 0. Aquest gen es modificarà per primer cop gràcies a la variabilitat genètica, ja que si dos individus amb salut 0 es reproduïxen, el descendent també tindrà salut 0 a no ser que el gen muti. Per tant, en una simulació sense variabilitat la salut dels individus mai canviarà. El gen de salut canvia la

distància a què ha d'estar un individu del centre d'una zona o animal infeccios per infectar-se. Aquesta distància varia linealment segons la fórmula següent:

$$D = \frac{1}{2} \cdot r \cdot (1 - g)$$

D = Distància mínima d'infecció de l'individu respecte el centre de la zona infecciosa.

r = Radi de la zona infecciosa.

g = Gen de salut de l'individu.

Quan un individu s'infecta, aquest passa a ser nova una zona infecciosa, i sempre que executi la fase de selecció d'estat, en el moment en què es calcula la gana també es calcularà el nivell de malaltia amb aquesta fórmula:

$$N_m = N_{m_0} + 0.25 \cdot g^2 - 0.5 \cdot g + 0.25$$

Nm = Nivell de malaltia nou.

Nm0 = Nivell de malaltia anterior.

g = Gen de salut de l'individu.

Si el nivell de malaltia arriba a 100, l'individu passa a l'estat *Mort*. Al desaparèixer, el seu focus d'infecció també ho fa. Tot i això, si l'individu té el gen de salut 1, és a dir, la salut al màxim, mai no podrà morir pel virus, ja que el procés de malaltia nou sempre serà igual a 0.

❖ 4.1.3.3. Comportament humans

Una de les espècies predeterminades són els humans. El seu comportament és el mateix que les altres espècies, és a dir, tenen els mateixos tipus de paràmetres d'espècie, nivells, estats i fan la fase de selecció d'estat i d'actuar d'igual manera. Tot i això, presenten una sèrie de diferències respecte la resta d'espècies quant a la manera en què interactuen amb el virus.

Cada cop que un humà entra en contacte amb un radi infeccios que no correspon a un altre humà, encara que es trobi a la distància adequada segons el seu gen de salut, només presenta una probabilitat fixada per l'usuari d'infectar-se. En altres paraules, un humà es pot acostar molt a un animal infectat i no necessàriament infectar-se. A més, el primer individu que s'infecta amb el virus 30 segons després d'iniciar la simulació mai no pot ser un humà.

Per tant, com la transmissió als humans del virus és totalment atzarosa, aquesta depèn de la proporció d'altres espècies infectades: si hi ha, per exemple, molts conills infectats, és molt més probable que un humà s'infecti i viceversa.

❖ 4.1.3.4. Comportament plantes

Cada cop que una planta neix, espera un nombre a l'atzar entre vint i trenta segons. Aleshores, donat que no s'hagi arribat a un límit arbitrari per cuidar el rendiment de 200 plantes, es reproduceix, tot generant una o dues noves plantes a un punt proper, però mai a la sorra.

Les plantes tenen paràmetres de consumible: es poden consumir 10 vegades i treuen un 5% de gana cada cop. Això vol dir que treuen un màxim del 50% de la gana d'un individu, suficient per saciar-lo. Tot i això, es pot donar que dos -o més- individus decideixin menjar la mateixa planta a la vegada, llavors el 50% de gana es reparteix conforme els individus van traient cops de consum. Quan la planta és consumida per darrera vegada, aquesta desapareix de l'escenari.

És possible que els individus s'acabin totes les plantes, però cada 30 segons hi ha un intent de generar una planta nova en un punt a l'atzar, fins i tot si no en queden. La probabilitat d'aquest intent augmenta si hi ha poques plantes en aquell moment.

• 4.1.4. Dades de la simulació

Quan una simulació acaba, l'usuari pot decidir desar-ne les dades o descartar-la. Si es decideix guardar la informació, es crea un arxiu *JSON* a la ubicació seleccionada al preparar la simulació i es torna al menú principal.

Al menú principal es pot accedir als arxius *JSON* de simulacions anteriors per veure'n les dades. Al fer-ho, apareixen llistats el percentatge de variabilitat genètica que tenia la simulació, així com el temps total que ha durat. També es pot veure la llista d'esdeveniments importants i el moment en què ha succeït cadascun d'ells. Finalment, també es poden veure els gràfics del nombre d'individus respecte el temps, nombre d'infectats respecte el temps, percentatge d'infectats respecte el temps i de mitjana del gen de salut respecte el temps de totes les espècies. Serà gràcies a aquests gràfics que obtindrem els resultats de l'experiment.

També es poden veure repeticions de les simulacions acabades. Veure una repetició funciona igual que executar-ne una de nova amb la diferència que no es poden guardar les dades d'una repetició perquè ja existeixen.

4.2. Anàlisi de la influència de la variabilitat en la propagació d'un virus

Com s'ha dit anteriorment, amb els coneixements de la part teòrica, podem concloure que les zones de ramaderia intensiva són zones amb poca variabilitat genètica, per tant, teòricament els seus individus tenen més dificultat per adaptar-se a alteracions, com podria ser una epidèmia vírica. Si un virus s'hi transmetés prou ràpidament, podria acabar saltant a humans i originar una pandèmia. Això, però, caldria comprovar-ho experimentalment, així que podem emprar el programa per simular poblacions amb diferents graus de variabilitat i estudiar l'efecte d'aquesta sobre la transmissió de l'epidèmia. Si a més introduïm humans a cada simulació, es pot comparar la rapidesa amb què trigui a infectar-se el primer humà amb la immediatesa que suposa el risc de la ramaderia intensiva per la salut pública.

Es planteja l'experiment a fi de validar o refutar les hipòtesis, que són que a més variabilitat, els conills segurament evolucionaran més ràpidament per resistir al virus, cosa que limitarà l'expansió del virus i comportarà que el salt del virus a humans trigui més a produir-se. Així doncs, les bases de l'experiment són les següents:

- Variables independents: El percentatge de variabilitat genètica de cada simulació i la probabilitat d'infecció dels humans.
- Variables dependents: La velocitat d'adaptació dels conills, la facilitat d'expansió del virus en conills i el temps que triga el virus a saltar a humans. La mesura d'aquestes variables queda explicada en la descripció dels gràfics que es farà seguidament de la introducció de les bases de l'experiment.
- Control de variables: Cada simulació tindrà el mateix temps màxim i nombre d'individus inicials a fi de garantir que totes les simulacions parteixin amb les mateixes condicions: totes començaran amb 30 conills i 10 humans. Un cop passats 30 segons de simulació, un conill s'infectarà. A mesura que els conills es vagin reproduint i generant nous individus amb gens de salut potencialment diferents, l'epidèmia es propagarà més o menys ràpidament fins que arribarà un punt on s'espera que per atzar la malaltia salti a humans. Cada simulació tindrà un temps màxim de 20 minuts, que dins de l'escala temporal del programa és temps suficient per garantir que hi hagi prou generacions de conills per tal que puguin evolucionar i proporcionar dades amb les quals sigui senzill extreure conclusions.
- Grups experimentals: Es faran 12 simulacions recollides en 6 grups experimentals de 4 rèpliques cadascun, on cada grup tindrà un 20% més de variabilitat que l'anterior, tot començant per un grup sense variabilitat que servirà com a grup control. Resulta molt complicat fer una estimació concreta del percentatge del salt

d'un virus a humans degut a la gran quantitat de factors que hi estan involucrats, per tant, totes les simulacions es realitzaran dues vegades, una amb el percentatge de probabilitat d'infecció d'humans de l'1% i una altre del 0,1%, tot fent un total de 48 simulacions.

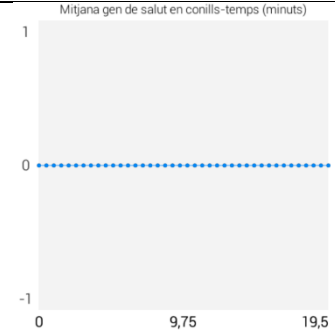
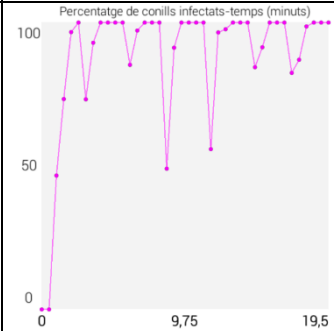
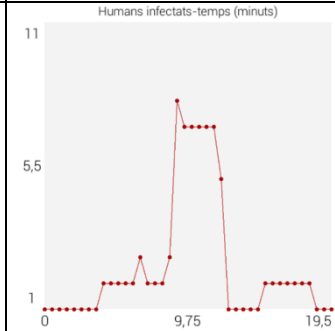
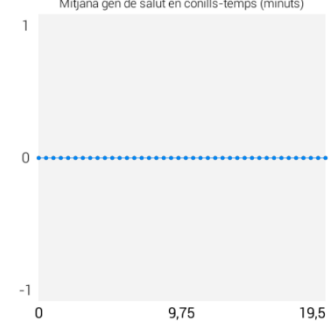
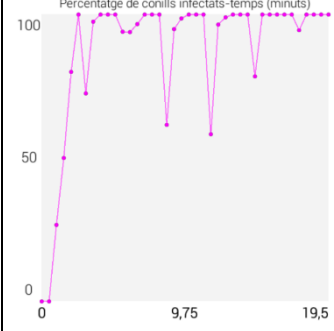
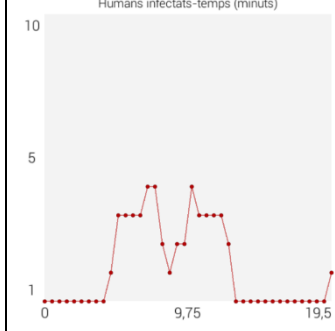
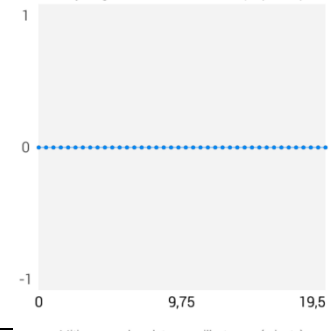
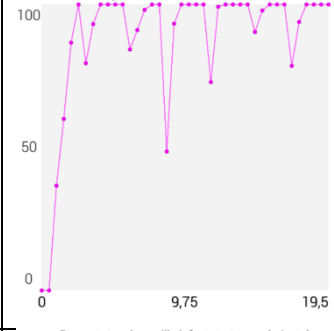
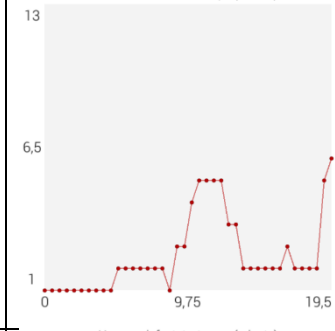
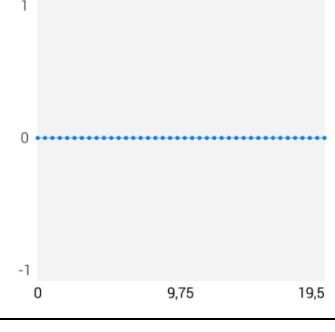
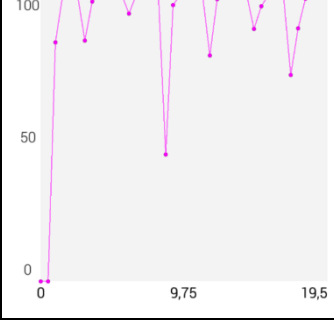
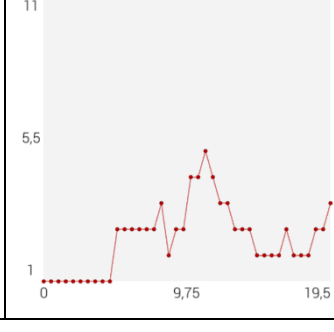
A continuació es presenten els gràfics de les simulacions recollits en una taula per cada grup experimental, on cadascuna de les files correspon a les diferents simulacions del grup en qüestió. Les files amb el fons clar representen les simulacions amb un 1% de probabilitat d'infecció d'humans, i les que tenen el fons fosc són les simulacions amb una probabilitat d'infecció del 0,1%.

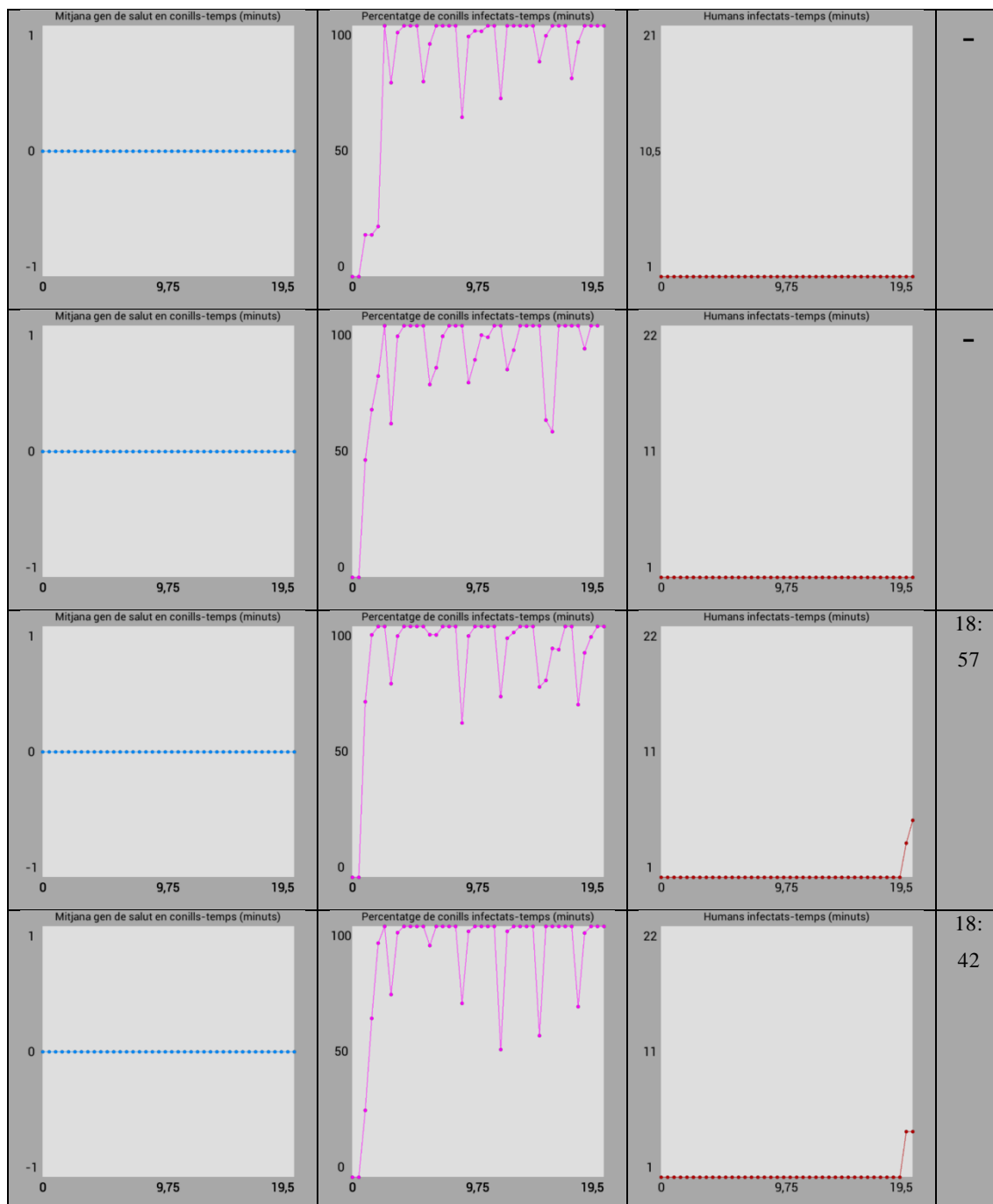
La primera columna mostra gràfiques que corresponen al canvi de la mitjana del gen de salut dels conills respecte el temps total de la simulació, que són 20 minuts. Aquest gen només pot prendre valors entre -1 i 1, de manera que la mitjana estarà compresa entre aquests dos valors en tot moment. A cada simulació inicialment prendrà un valor de 0, ja que els individus que apareixen a l'iniciar-ne una tenen el gen de salut amb valor 0. La tendència a pujar de la mitjana permetrà determinar la velocitat d'adaptació dels conills: si el gràfic puja al llarg del temps voldrà dir que l'espècie ha evolucionat per tenir millor salut. En canvi, si el gràfic roman constant vol dir que no hi ha hagut adaptació. També pot passar que la salut disminueixi amb el temps, cosa que significaria que els conills han evolucionat per tenir pitjor salut. La inclinació de la tendència general del gràfic serà equivalent a la velocitat d'adaptació.

La segona columna mostra els gràfics amb el percentatge de població de conills infectats respecte el temps total de la simulació. Cada valor d'aquest percentatge és relatiu a la població d'aquell moment de conills, és a dir, si 10 conills de 10 estan infectats, el gràfic mostrarà un 100% d'infectats, igual que si 50 de 50 conills ho estan. En totes les simulacions el percentatge creixerà força ràpidament en els primers minuts, ja que no hauran nascut prou conills amb una salut potencialment millor, de manera que per extreure conclusions s'analitzarà si la tendència del percentatge és disminuir amb el temps o romandre elevat. Això determinarà la facilitat d'expansió del virus en conills: si disminueix força, vol dir que el virus presenta dificultats per transmetre's i viceversa.

La tercera gràfica és el nombre d'humans infectats al llarg del temps de la simulació. L'objecte d'estudi en aquest treball no és la facilitat amb què es propaga el virus en humans, sinó com de ràpid es produeix el salt del virus a humans, de manera que únicament es prendrà en consideració el temps que triga a infectar-se el primer humà de la simulació. El moment en el temps en què això succeeix estarà indicat en la quarta columna de cada taula.

Gràfics del grup sense variabilitat:

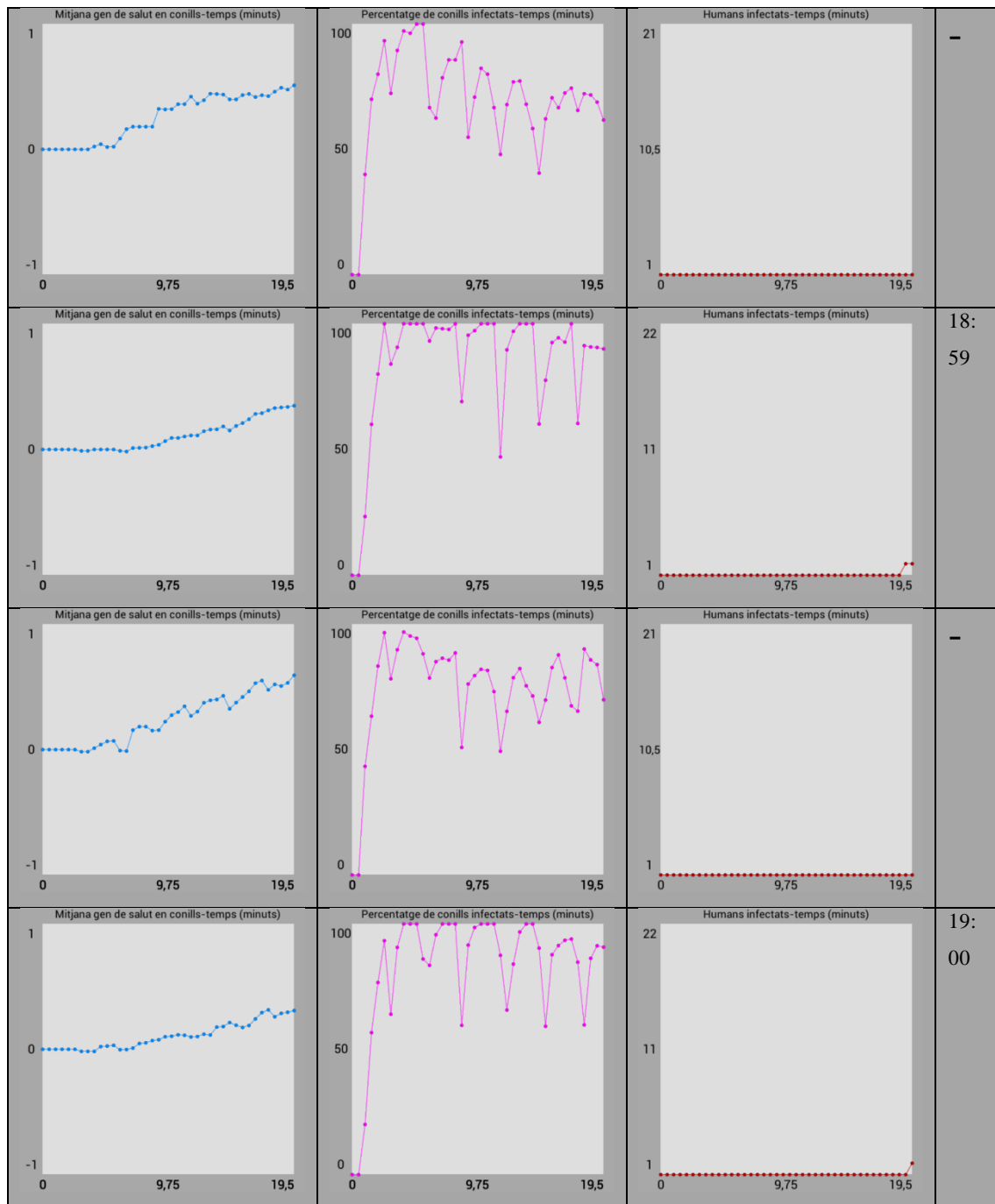
Gràfic mitjana gen de salut en conills - Temps (En minuts)	Gràfic percentatge de conills infectats - Temps (En minuts)	Gràfic humans infectats - Temps (En minuts)	1r humà
			3:32
			4:17
			4:52
			4:50



La mitjana del gen de salut no ha variat en cap de les simulacions per l'absència de variabilitat. Això vol dir que els individus no han evolucionat per tenir millor salut, cosa que ha causat que el virus s'hagi transmès molt ràpidament com implica el fet que el percentatge de conills infectats estigui molt proper a 100% durant la majoria de temps de les simulacions. L'elevada concentració de conills infectats en l'ecosistema ha permès que el salt del virus als humans s'hagi produït en les simulacions amb un 1% de probabilitat d'infecció humana entre 3 i 5 minuts després d'iniciar-se. En canvi, en dues de les simulacions amb un 0,1% de probabilitat el virus no ha arribat a infectar els humans, i en les altres dues ha trigat uns 19 minuts a fer-ho.

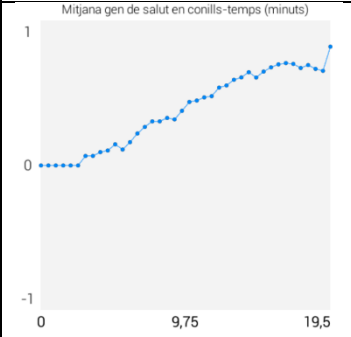
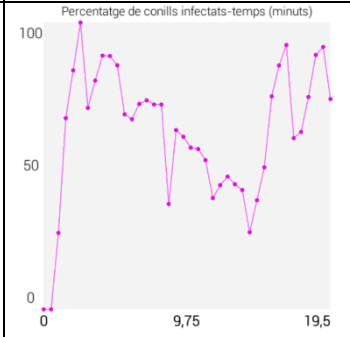
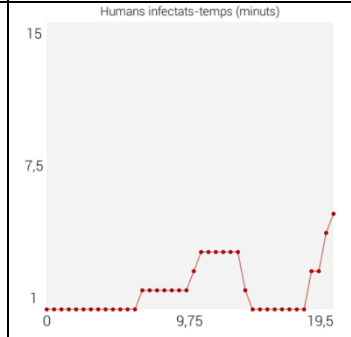
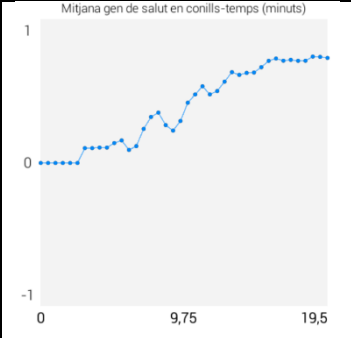
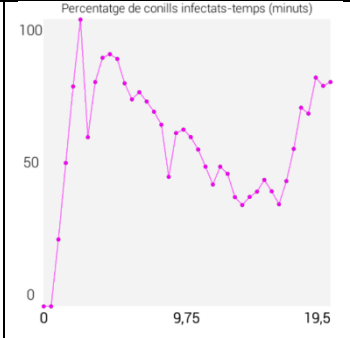
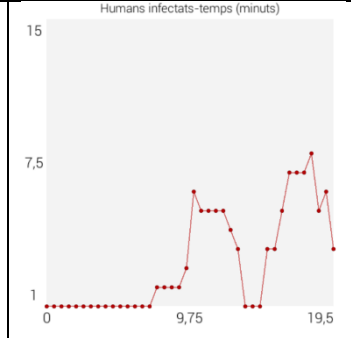
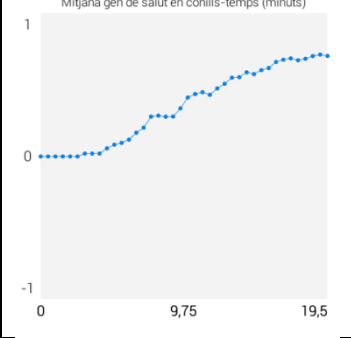
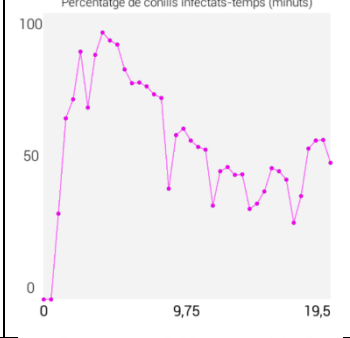
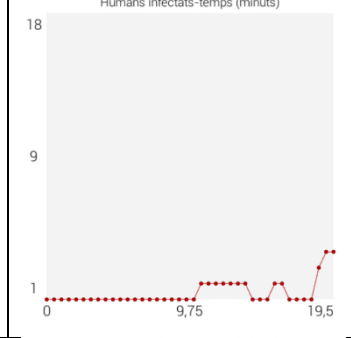
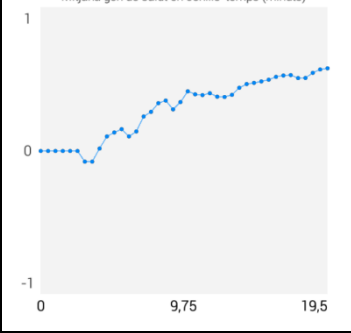
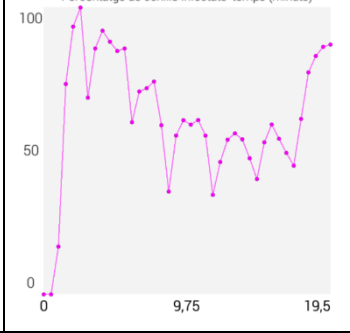
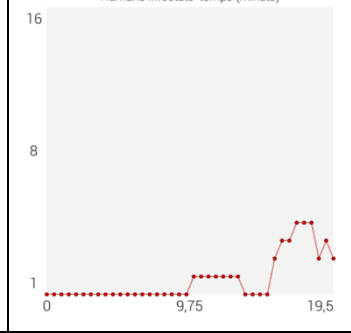
Gràfics del grup amb un 20% de variabilitat:

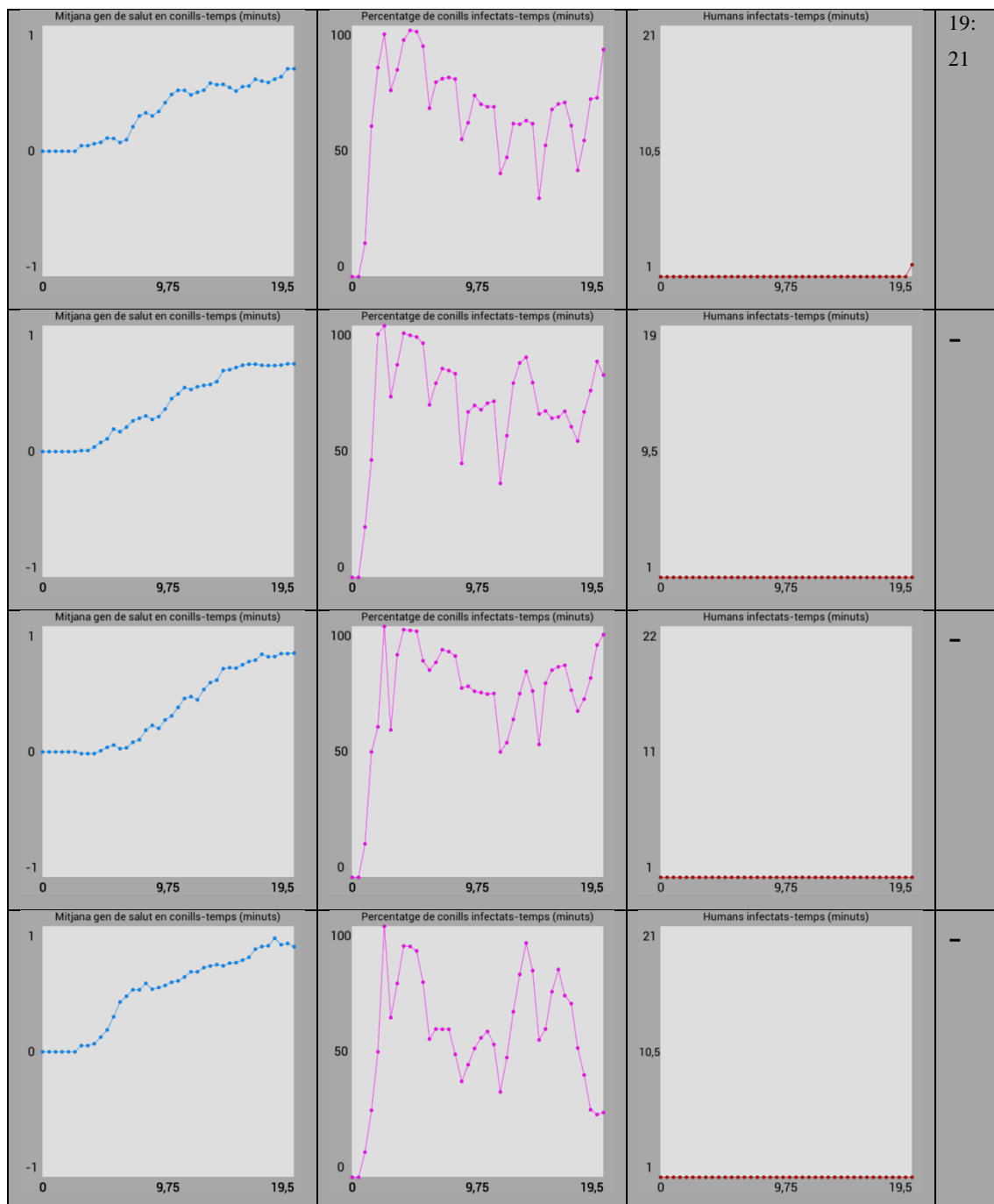
Gràfic mitjana gen de salut en conills - Temps (En minuts)	Gràfic percentatge de conills infectats - Temps (En minuts)	Gràfic humans infectats - Temps (En minuts)	1r humà
			8:44
			9:36
			6:13
			4:41



Observem que el gen de salut ha tingut tendència a pujar en totes les simulacions: això significa que els conills s'han començat a adaptar al virus. Els gràfics d'infecció de conills ho corroboren, ja que el percentatge de conills infectats s'ha mantingut per sota de 100% durant força temps en la majoria de simulacions. Tot i això, el temps que ha trigat a infectar-se el primer humà ha estat força variable, tot prenent valors entre aproximadament 5 i 9 minuts en les simulacions amb una probabilitat de salt d'un 1%. D'altra banda, en les simulacions amb una probabilitat de salt d'un 0,1%, en dues simulacions cap humà s'ha infectat, i en les altres dues el virus ha trigat uns 19 minuts a infectar el primer humà.

Gràfics del grup amb un 40% de variabilitat:

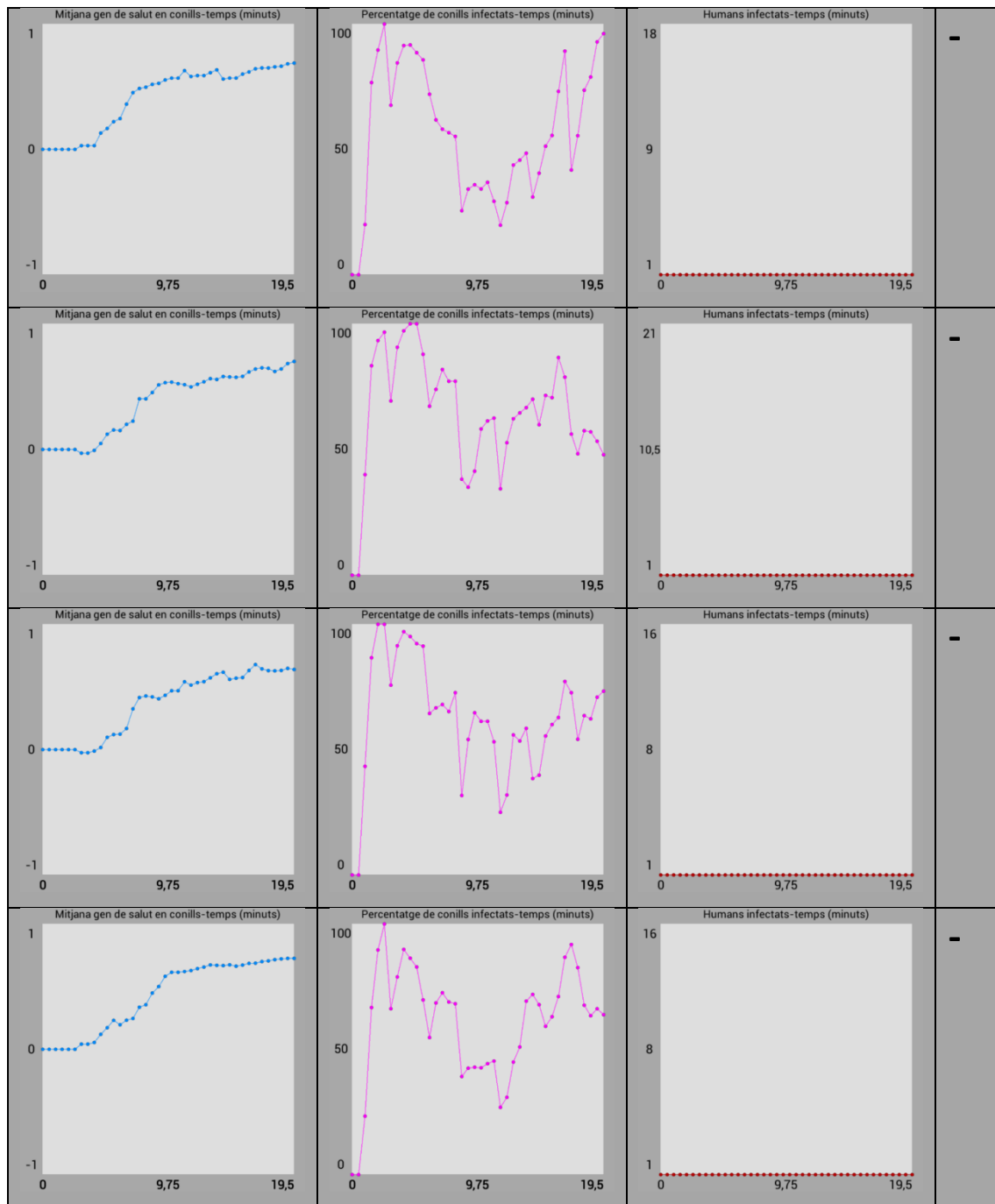
Gràfic mitjana gen de salut en conills - Temps (En minuts)	Gràfic percentatge de conills infectats - Temps (En minuts)	Gràfic humans infectats - Temps (En minuts)	1r humà
			6:09
			7:07
			10:21
			9:41



Un cop més, el gen de salut ha tendit a pujar, i això ha causat una disminució progressiva del percentatge de conills infectats: en molt poques ocasions el percentatge de conills infectats arriba a 100%. El rang de temps en què s'ha infectat el primer humà també ha estat força variable, aproximadament entre 6 i 10 minuts en les simulacions amb una probabilitat d'infecció dels humans de l'1%. Malgrat això, en el grup amb un 0,1% de probabilitat de salt, el virus només ha arribat a infectar un humà en una de les simulacions passats 19 minuts des de l'inici d'aquesta.

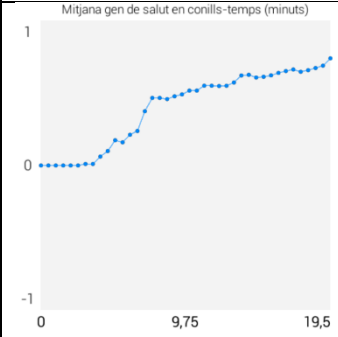
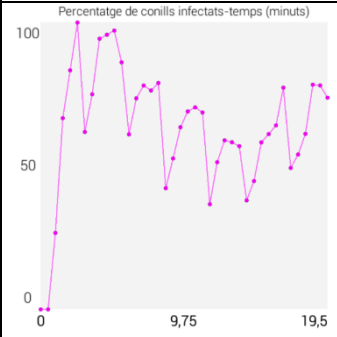
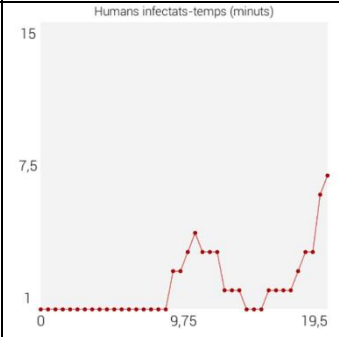
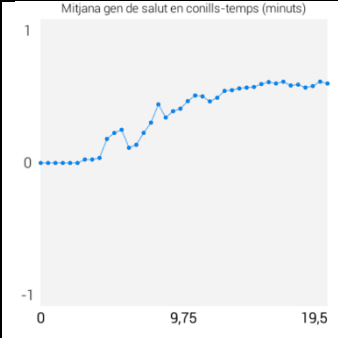
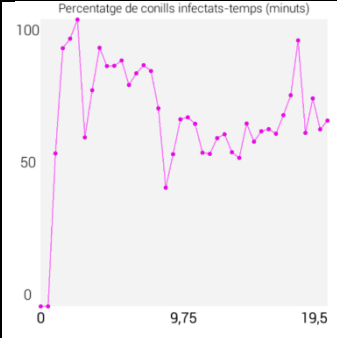
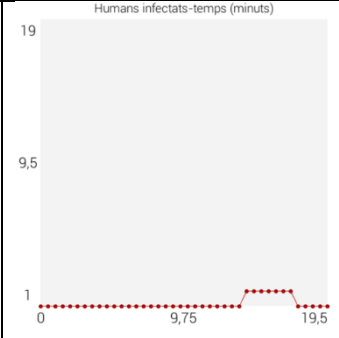
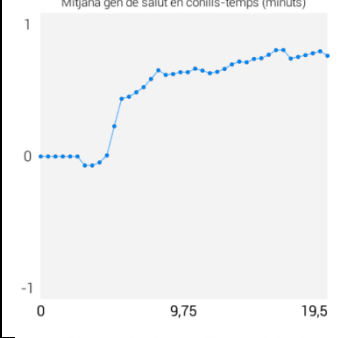
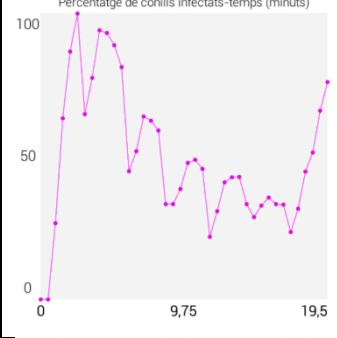
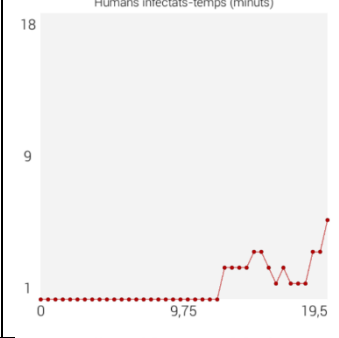
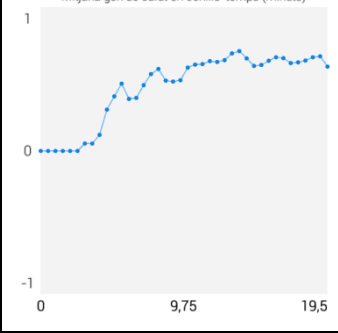
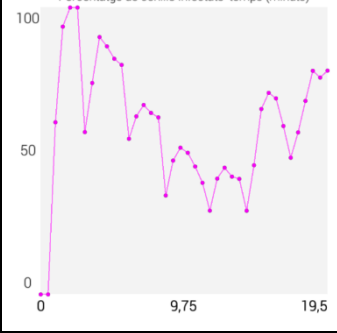
Gràfics del grup amb un 60% de variabilitat:

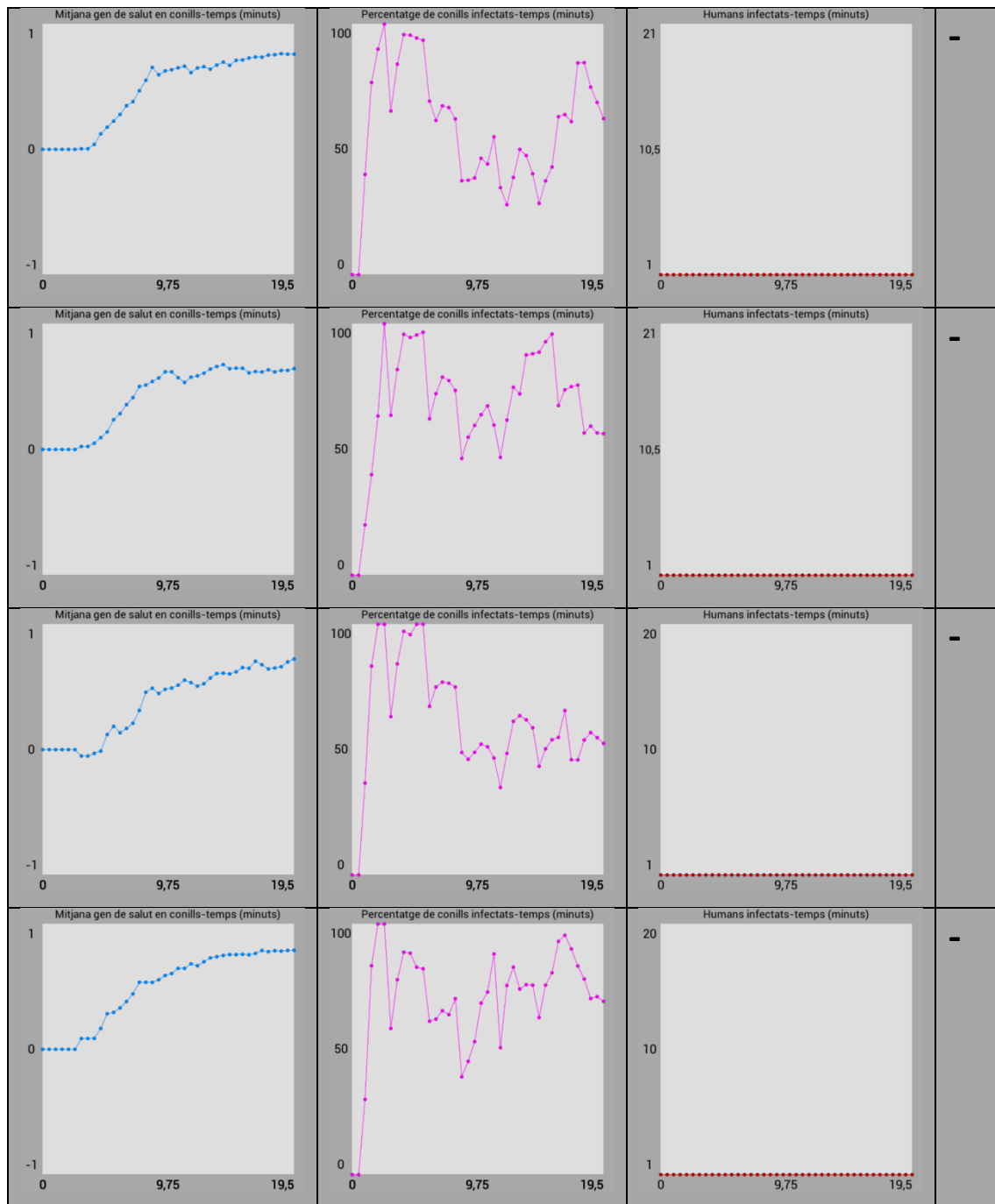
Gràfic mitjana gen de salut en conills - Temps (En minuts)	Gràfic percentatge de conills infectats - Temps (En minuts)	Gràfic humans infectats - Temps (En minuts)	1r humà
			11:31
			9:41
			12:44
			8:41



El gen de salut ha tornat a tenir tendència a pujar, i això ha fet que el percentatge de conills infectats romanguí per sota del 100% en gairebé tot moment. El rang de temps que ha trigat en produir-se el salt del virus a humans és més elevat que en els grups anteriors: entre 8 i 13 minuts en els grups amb la probabilitat de salt d'un 1%. En els grups que tenen la probabilitat d'un 0,1% no s'ha arribat a infectar cap humà.

Gràfics del grup amb un 80% de variabilitat:

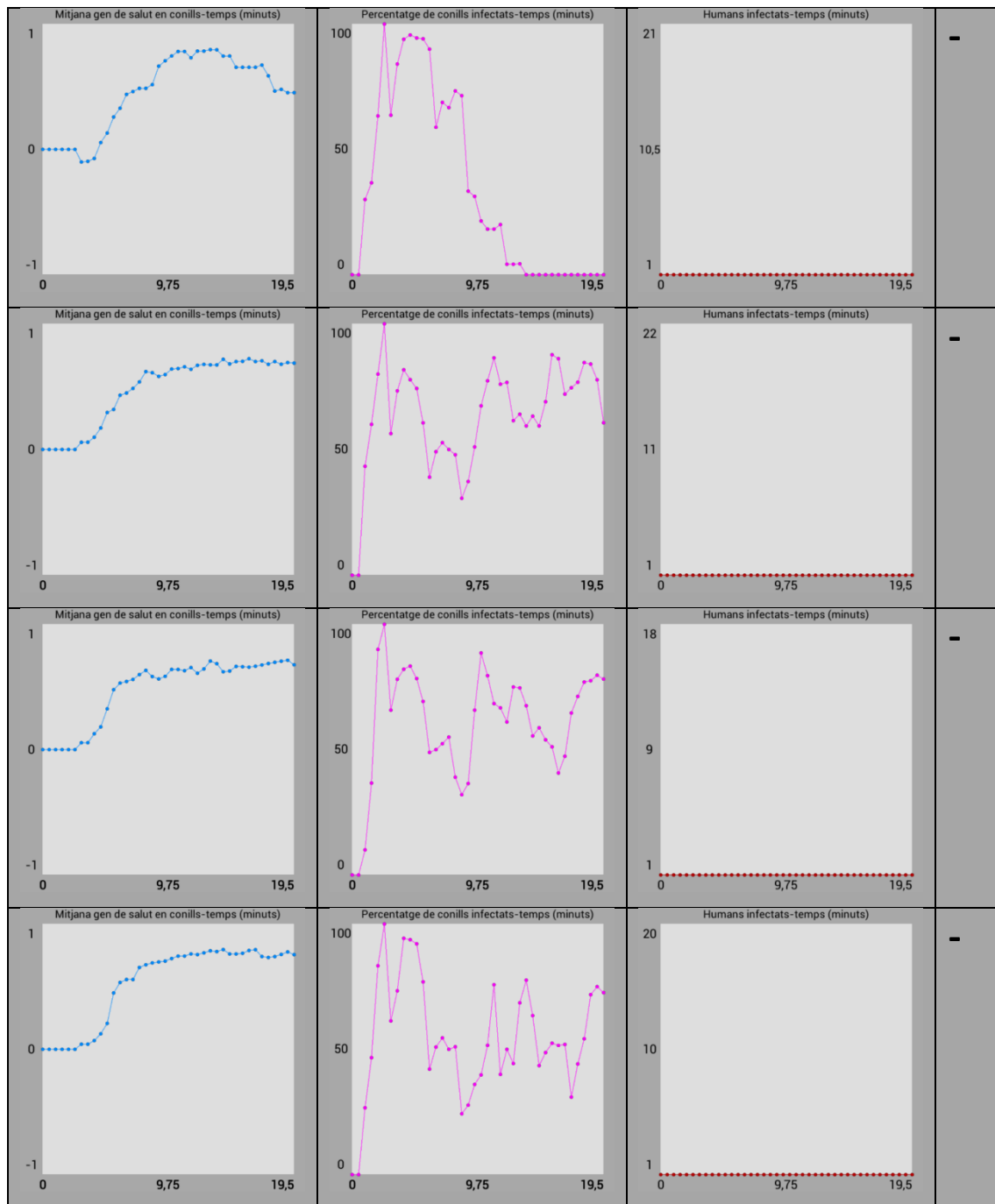
Gràfic mitjana gen de salut en conills - Temps (En minuts)	Gràfic percentatge de conills infectats - Temps (En minuts)	Gràfic humans infectats - Temps (En minuts)	1r humà
			8:46
			13:52
			12:01
			15:00



El gen de salut presenta un cop més una tendència a pujar, i això fa que es rebaixi el percentatge de conills infectats. Si bé és cert que una simulació del grup amb probabilitat de salt d'un 1% presenta un temps fins el contagi del primer humà relativament baix, 8 minuts i 46 segons, la resta de simulacions presenten el temps d'infecció del primer humà considerablement més alt que la resta de grups amb un rang de temps entre 12 i 15 minuts. En les simulacions amb probabilitat de salt de 0,1% tampoc no s'ha arribat a infectar cap humà.

Gràfics del grup amb un 100% de variabilitat:

Gràfic mitjana gen de salut en conills - Temps (En minuts)	Gràfic percentatge de conills infectats - Temps (En minuts)	Gràfic humans infectats - Temps (En minuts)	1r humà
<p>Mitjana gen de salut en conills-temps (minuts)</p>	<p>Percentatge de conills infectats-temps (minuts)</p>	<p>Humans infectats-temps (minuts)</p>	9:26
<p>Mitjana gen de salut en conills-temps (minuts)</p>	<p>Percentatge de conills infectats-temps (minuts)</p>	<p>Humans infectats-temps (minuts)</p>	8:55
<p>Mitjana gen de salut en conills-temps (minuts)</p>	<p>Percentatge de conills infectats-temps (minuts)</p>	<p>Humans infectats-temps (minuts)</p>	8:46
<p>Mitjana gen de salut en conills-temps (minuts)</p>	<p>Percentatge de conills infectats-temps (minuts)</p>	<p>Humans infectats-temps (minuts)</p>	11: 34



En aquest grup, el gen de salut també mostra tendència a pujar i això finalment causa que el percentatge de conills infectats s'allunyi del 100%. El temps que ha trigat el virus a propagar-se a humans quan la probabilitat de salt era de l'1 està comprès en un rang d'entre 9 i 12 minuts. D'altra banda, en les simulacions amb probabilitat de contagi dels humans de 0,1% no s'ha infectat cap humà.

5. CONCLUSIONS

L'objectiu principal del treball ha quedat assolit: amb els coneixements de la part teòrica s'ha pogut elaborar un programa on es poden simular ecosistemes amb un virus. Gràcies al programa s'ha realitzat un experiment amb el qual s'han obtingut uns gràfics que al ser analitzats i comparats donen lloc a una sèrie de conclusions amb què es validen les hipòtesis d'aquest treball:

Primerament, s'observa que en tots els grups, excepte en el grup sense variabilitat, el gen de salut ha tingut una tendència a pujar amb el temps. En altres paraules, sempre que hi ha hagut variabilitat, els conills han evolucionat per tenir millor salut en totes les simulacions. A més, la variabilitat ha mostrat una relació inversament proporcional amb el percentatge de conills infectats: a més variabilitat més s'ha allunyat el percentatge de conills infectats de 100%. Així doncs, la nostra primera hipòtesi queda verificada: la variabilitat ha permès que les espècies s'adaptin i evolucionin per resistir al virus, i gràcies a aquestes adaptacions l'expansió del virus ha disminuït conforme augmentava la variabilitat.

En segon lloc, el temps que ha trigat a infectar-se el primer humà ha augmentat si també ho ha fet la variabilitat de forma independent al percentatge de salt entre espècies, fins i tot arribant-se a donar que en algunes simulacions amb prou variabilitat el virus no ha arribat a infectar cap humà en el temps de la simulació. Això valida la segona hipòtesi, que diu que els humans trigaran més a infectar-se si les altres espècies presenten més variabilitat. Per tant, totes les hipòtesis queden verificades.

Resta, doncs, la qüestió de l'objectiu secundari: determinar si la ramaderia intensiva és beneficiosa a llarg termini. És cert que el model ramader abasteix de menjar a la gran majoria de la societat. Per aquest motiu, resulta innegable que el model és beneficiós pels humans a curt termini. Tot i això, amb aquest treball s'ha pogut estudiar que la manca de variabilitat genètica juga un paper molt important a l'hora de facilitar el salt d'un microorganisme a humans. Per tant, es pot afirmar que el model ramader suposa un perill força gran per la societat, ja que els animals d'aquestes granges presenten la variabilitat notòriament baixa i són especialment vulnerables a qualsevol malaltia infecciosa donada la proximitat que tenen els uns amb altres. Sens dubte, un virus es propagaria amb moltíssima facilitat en aquest ambient i seria molt senzill que acabés saltant a humans i potencialment donant lloc a una pandèmia. Aquest és un risc que no podem ignorar, especialment ara que hem vist els efectes que té una pandèmia en la nostra societat. Així doncs, sembla raonable pensar que a llarg termini la ramaderia intensiva resulta perjudicial per la salut global. És precís canviar el sistema ramader per garantir una variabilitat genètica més elevada en les granges. Evidentment, aquest canvi probablement resultaria lent i progressiu, després de tot, fer canvis tan dràstics en el model ramader que alimenta a la major part de la

societat seria molt imprudent. Tot i això, si s'estudien bé quins canvis cal fer i aquests s'implementen a un ritme adequat, de ben segur es podria arribar a desenvolupar un nou model de producció d'aliment a gran escala que no suposés un risc per la salut pública en qüestió de poques dècades.

És possible que l'arribada de nous virus per part d'animals sigui inevitable. Després de tot, és un fenomen fins a cert punt atzarós, de manera que mai no hi podrem tenir un control total. Però de totes formes, si aconseguíssim augmentar la variabilitat genètica en les granges de ramaderia intensiva, s'ha comprovat en aquest treball que un virus trigaria considerablement més temps a saltar a humans. Aquest temps podria resultar-nos vital per la producció de vacunes o altres mètodes de prevenció que finalment poguessin impedir que es repeteixi una situació com la recent pandèmia de coronavirus, tot salvant milers o fins i tot milions de vides.

6. GLOSSARI

¹ **Matèria orgànica:** Són tots els compostos formats majoritàriament per carboni (C), hidrogen (H) i oxigen (O), tot i que també poden contenir altres elements, com ara el fòsfor (P) o el sofre (S). Solen ser molècules grans i complexes i que es formen o estan implicades en la vida dels éssers vius. Els tipus més importants són els glúcids (sucres), els lípids (greixos), les proteïnes i els àcids nucleics (ADN).

² **Matèria inorgànica:** Són tots els compostos que no tenen una proporció gran de carboni. Molts es poden formar per processos químics sense intervenció d'éssers vius.

³ **Reproducció sexual:** Tipus de reproducció pròpia dels éssers vius eucariotes (animals, vegetals, fongs i protozous) que es dona quan s'ajunten dos gàmetes⁷, un de cada gènere. El procés amb el qual es generen gàmetes s'anomena meiosi⁹.

⁴ **Reproducció asexual:** Tipus de reproducció pròpia dels éssers vius unicel·lulars procariotes (virus i bacteris) on la cèl·lula es divideix en dues d'identiques mitjançant el procés de mitosi. La única causa de variabilitat en aquests éssers vius són les mutacions.

⁵ **Segregació a l'atzar de cromosomes homòlegs:** Procés de la meiosi⁹ en què els cromosomes dels progenitors es disposen de forma atzarosa als dos pols de la cèl·lula abans que aquesta es divideixi en dues, tot separant-los. Al ser una disposició atzarosa d'una gran quantitat de material genètic, la segregació dels cromosomes genera molta variabilitat.

⁶ **Recombinació:** Un cop produïda la segregació, els cromosomes homòlegs poden intercanviar-se fragments de gens atzarosament. Per aquest motiu, la variabilitat genètica creada per la segregació augmenta exponencialment gràcies a la recombinació.

⁷ **Gàmetes:** Els gàmetes són les cèl·lules sexuals dels éssers vius eucariotes. En el cas dels humans, els gàmetes masculins s'anomenen espermatozoides i els femenins, òvuls.

⁸ **JSON (*JavaScript Object Notation*):** És un format d'arxiu que serveix per emmagatzemar informació de forma fàcil d'entendre per humans i alhora senzilla de convertir a dades que l'ordinador pugui processar.

⁹ **Meiosi:** És un procés de divisió cel·lular que genera gàmetes i que gràcies a la segregació a l'atzar de cromosomes homòlegs i la recombinació dona lloc a molta més variabilitat que els individus de reproducció asexual.

7. WEBGRAFIA

DEFINICIÓ ECOSISTEMA

(Actualitzat en 2020, 13 d'agost). *¿Qué es un ecosistema?* Biodiversidad.gob.mx

<https://www.biodiversidad.gob.mx/ecosistemas/quees>

(2022, 11 de maig). *Ecosistema: Qué es, Definición, Tipos, Características y Ejemplos*. Responsabilidadsocial.net

<https://responsabilidadsocial.net/ecosistema-que-es-definicion-tipos-caracteristicas-y-ejemplos/?amp>

RELACIONS ENTRE ESPÈCIES

Seguí, Pau. (2018, 26 d'abril). *Relaciones intraespecíficas; qué es, tipos y ejemplos*. Ovacen.

<https://ecosistemas.ovacen.com/biocenosis/relaciones-intraespecificas/>

EVOLUCIÓ NEODARWINISTA

P. Rafferti, John. (Actualitzat en 2022, 8 d'octubre). *Neo-Darwinism*. Britannica.

<https://www.britannica.com/science/neo-Darwinism>

MODEL RAMADER

Rinkesh. (2019, 15 de març). *Advantages and Disadvantages of Monoculture Farming*. Conserve Energy Future.

<https://www.conserve-energy-future.com/advantages-disadvantages-examples-monoculture.php>

Keim, Brandon. (2007, 10 de setembre). *The Approach of the Livestock Monoculture*. Wired.

<https://www.wired.com/2007/09/the-approach-of/>

VIRUS

Barath, Harini. (2021, juliol). *¿Qué virus animales amenazan a los humanos?* Investigación y ciencia.

<https://www.investigacionyciencia.es/revistas/investigacion-y-ciencia/al-rescate-del-coral-837/qu-virus-animales-amenazan-a-los-humanos-20003>

K. Johnson, Kristine. (2020, 8 d'abril). *Why do viruses jump from animals to humans?* The Royal Society.

<https://royalsociety.org/blog/2020/04/why-do-viruses-jump-from-animals-to-humans/>

PROCESSOS DE REPRODUCCIÓ CEL·LULAR

S, Raisman, Jorge i Gonzalez, Ana María (Actualitzat en 2008, 20 de febrer). *Meiosis y reproducción sexual*. Hipertextos del Área de la Biología.

http://www.biologia.edu.ar/cel_euca/meiosis.htm

FONTS IMATGES

IMATGE 1

<https://www.pinterest.es/pin/439171401163408463/>

<https://publicdomainvectors.org/en/free-clipart/Freehand-drawing-of-a-blue-bird-flying/34119.html>

<https://freessvg.org/vector-drawing-of-blue-color-flower>

<https://freessvg.org/vector-clip-art-of-thermometer-tube-orange>

<https://es.wikidat.com/info/Biocenosis>

IMATGE 2

<https://www.publicdomainpictures.net/es/view-image.php?image=55233&picture=fox-aislada-en-blanco>

<https://stocksnap.io/photo/mushroom-fungus-XE7TR5TCQL>

<https://www.wfsb.com/2022/09/13/highly-contagious-rabbit-disease-identified-hartford-county/>

<https://www.google.com/search/static/gs/animal/m096mb.html>

<https://www.publicdomainpictures.net/es/view-image.php?image=376062&picture=cuadro-vintage-de-planta-de-palma>

IMATGE 3

<https://zoomviewer.toolforge.org/index.php?f=Fighting%20Hartebeest.jpg&flash=no>

IMATGE 4

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Todd_Huffman_-_Lattice_%28by%29.jpg

IMATGE 5

<https://pxhere.com/es/photo/1279140>

<https://www.holekamplab.org/interspecific-competition-and-anti-predator-behavior.html>

<https://www.healthline.com/health/identification>

<https://www.flickr.com/photos/127787488@N03/33497535711>

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Pagurus_bernhardus.001_-_Aquarium_Finisterrae.jpg

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Amphiprion_ocellaris_%28Clown_anemone_fish%29_by_Nick_Hobgood.jpg

IMATGE 6

<https://flexbooks.ck12.org/cbook/ck-12-biology-flexbook-2.0/section/5.14/primary/lesson/theory-of-evolution-by-natural-selection-bio/>

