

# PROVES PRIMERES CLASSES

CLASSE AFECTACIÓVIRUSREGIÓ, VIRUS (ARN I RNA), REGIÓ I FAMILIAREGIÓ

#### Prova 1: Provo la funció avançar Un Dia (Prova Iria Afectacio):

#### Dia D-1

```
\bullet \ total Malalts = 1515
```

• totalMorts = 150

```
\bullet \ totalInfectats = 3040
```

```
R.inf(V,D-1) INFECTATS = [100,90,80,90,100,111,110]
R.mal(V,D-1) MALALTS = [42, 45, 55, 50]
R.mor(V,D-1) MORTS = [a, b, c, d]
R.imm(V,D-1) IMMUNES= [97, 99, ....]
```

#### DIA D

```
Suposem que fent els càlculs indicats prèviament, ha resultat un total de 200 nous contagis. Nous\_malalts(R,V,D) = R.inf(V,D-1)[VI()] * V.probMalalt() = R.inf(V,D-1)[3] * V.probMalalt() = 80*0.5 = 40 Nous\_morts(R,V,D) = Nous\_malalts(R,V,D) * V.probMort() = 40 * 0.1 = 4 Morts\_per\_dia(R,V,D) = Nous\_morts(R,V,D) / V.duradaMalaltia() = 4 / 4 = 1  * totalMalalts = 1515 + 40 = 1555   * totalMorts = 150 + 1 + a + b + c   * totalInfectats = 3040 + 200 = 3240  R.inf(V,D) \ INFECTATS = [200,100,90,80-1,90-a,100-b,111-c]  R.mal(V,D) \ MALALTS = [40-1,42-a,45-b,55-c]  R.mor(V,D) \ MORTS = [1,a,b,c] \ (morts ja aplicats)  IMMUNES = [110,97,99,....]
```

Per provar si la funció avançarUnDia() funciona bé, he decidit fer exactament l'exemple que surt a l'annex de fórmules. La idea era veure si, a partir dels valors inicials que ens dona l'exemple, la funció que he fet realment actualitza les dades com hauria de fer segons les fórmules.

Per fer-ho, m'he creat una classe de prova (la tinc penjada al GitHub) on primer he creat un virus amb exactament els mateixos valors que diu l'exemple (així també he aprofitat per comprovar que el constructor funciona bé). Després he hagut d'afegir uns quants mètodes per poder modificar les llistes que tinc internament a la classe AfectacioVirusRegio, i així posar-hi manualment els valors de infectats, malalts, morts... de l'exemple.

Un cop ho tenia tot preparat, he executat el mètode avançarUnDia() i he anat mirant si la sortida que em donava (tant les llistes com els totals) coincidia amb la que hauria de sortir segons els càlculs. En concret, he mirat si es feien bé els nous malalts i contagiosos, si es repartien correctament les morts entre dies, i si s'actualitzaven bé tots els comptadors.

#### - Sortida de la classe de prova:

```
== INFECTATS INICIALS ==
[90, 100, 111, 110]
== MALALTS INICIALS ==
[42, 45, 55, 50]
== TOTALS INICIALS ==
Total malalts: 1515
Total morts: 150
Total infectats: 3040

AVANÇEM UN DIA :)

== INFECTATS NO CONTAGIOSOS ==
[200, 100, 90]
== INFECTATS ==
[79, 90, 100, 111]
== MALALTS ==
[39, 42, 45, 55]
== MORTS PER DIA ==
[1, 0, 0, 0]
== TOTALS ==
Total malalts: 1555
Total morts: 151
Total infectats: 3240
```

La veritat que estic molt contenta ja que la sortida és exactament la sortida que s'esperava. Aixó em confirma que de moment, la classe funciona bé.

Si ara provem a avançar un altre dia, anem a veure la sortida:

```
AVANÇEM UN ALTRE DIA :)

== INFECTATS NO CONTAGIOSOS ==
[23, 200, 100]

== INFECTATS ==
[89, 78, 90, 100]

== MALALTS ==
[44, 38, 42, 45]

== MORTS PER DIA ==
[1, 1, 0, 0]

== TOTALS ==
Total malalts: 1600
Total morts: 153
Total infectats: 3263
```

Sembla que es segueix actualitzant correctament!!

# Prova 2: Provo la funció de mutació per coincidència de la classe regió:

Suposem 2 virus A i B, de la mateixa família, i presents en una certa regió.

- Aquest dia hi ha hagut 3000 nous infectats d'A i 4000 de B. A, d'altra banda, és més fort que B.
- Suposem que el nombre d'infectats comuns és de 15, donant una PMC de 0.15. Ara analitzem els 2 escenaris possibles (succeirà un o altre depenent de si el nombre aleatori generat és menor o major que 0.15):

#### a) Hi ha mutació

- Apareix mutació per coincidència d'A i B, anomenada A B
- Comprovem (per nom) si aquest virus ja existeix. Si existeix, no cal crear-lo de nou. Si no, el creem i l'afegim a la llista que es manté a simulació
- Es crea una nova afectació per al virus  $A\_B\_a$  la regió en qüestió. El nombre inicial d'infectats, seguint el full de fórmules, serà 15 \* 0.15 (comuns \*PMC) = 2 (arrodonit) (\*)
- Aquests 2 nous infectats s'han de restar d'A o de B... en realitat, es restaran de B, el més feble (a l'algorisme, de fet, diu això, però d'altra forma). Per tant, el nombre de nous contagis de B serà 3998 (tb cal modificar l'acumulat d'infectats d'aquesta afectació restant-hi 2).
- (\*) Si per casualitat ja existís afectació d'aquest virus en la regió, simplement li sumaríem els 2 nous infectats als nous infectats (i a l'acumulat).

#### b) No hi ha mutació

• Simplement, aquests 15 comuns d'A i de B "se'ls queda" el més fort, és a dir, A. Per tant, això equival a restar-los de B, que quedarà amb 3985 nous infectats (tb li restarem al seu acumulat d'infectats)

En aquesta segona prova volia veure si la mutació per coincidència funcionava correctament, segons el que diu l'enunciat i les fórmules de l'annex. Per fer-ho, he creat dos virus ARN diferents (el virus A i el virus B), i he fet que siguin de la mateixa família (FamiliaAuladell). Això m'ha anat molt bé per afirmar que si són de la mateixa família es dona la mutació, i si no ho son, no es fa.

He creat la regió IriaLand, i hi he afegit les dues afectacions amb els infectats que posava a l'exemple. Després, per tenir-ho tot controlat, he forçat els valors de cada afectació fent servir els mètodes de prova que havia creat abans.

Un cop fet això, bàsicament he cridat el mètode comprovarMutacionsPerCoincidencia() i he mirat per pantalla el resultat. Vull veure si realment s'ha afegit un nou virus mutat i si els infectats s'han distribuït correctament.

Amb aquesta prova he pogut veure si:

- només es produeix la mutació si hi ha coincidència de virus d'una mateixa família,
- es genera un nou virus amb nom correcte
- es reparteixen bé els infectats resultants de la mutació a la mateixa regió.

Ara bé, he tingut el problema de que clar, la mutació per coincidència es produeix segons un nombre aleatori. Per això, al començament, he format aquest nombre aleatori a 0, i així es produeix segur.

A més, no estic molt convençuda amb la fòrmula de  $\rightarrow$  Inf\_comuns(V,V',R,D) = (NCD(V,R,D)/R.poblacio(D)) \* (NCD(V,R,D)/R.poblacio(D)) (\*). Ja que sempre NCD serà menor a la població tota, i això donarà dos nombres menors que 1 fent que mai dongui més gran que 1 el resultat.

- Sortida del codi provocant la mutació:

```
=== RESULTATS DESPRES DE MUTACIO PER COINCIDENCIA ===
- Virus: A
   Infectats: [3000]
   Total infectats: 3000
- Virus: B
   Infectats: [3998]
   Total infectats: 3998
   Total infectats: 3998
- Virus: A_B
   Infectats: [2]
   Total infectats: 2
```

La veritat que estic molt satisfeta perquè la sortida ha estat la que esperava

- Sortida del codi sense provocar la mutació:

```
=== RESULTATS DESPRÉS DE MUTACIÓ PER COINCIDÈNCIA ===
- Virus: A
   Infectats: [3000]
   Total infectats: 3000
- Virus: B
   Infectats: [3985]
   Total infectats: 3985
   Total infectats: 3985
```

#### **Prova 3:** Provo els confinaments entre regions (ProvaConfinament):

En aquesta prova volia veure si els mètodes de confinaments que he fet funcionaven tal com m'havia imaginat, tant quan faig un confinament dur, com un confinament tou, i també quan el desfaig. El que volia comprovar és que realment es modifiquin les taxes de contacte, i que quan desconfinem, si el codi ha sigut capaç de guardar les originals i tot torni a estar com abans.

Per començar, he creat dues regions fictícies, Barcelona i Girona. Les he connectat amb una taxa de contacte externa de 0.3, per simular que hi ha moviment entre elles. Després he aplicat un confinament dur a Barcelona, que en teoria hauria de canviar la seva taxa interna i fer que no hi hagués cap mena de contacte amb les regions veïnes.

Un cop fet això, he pogut comprovar que per sort, la taxa interna havia baixat i que s'havia pogut tallar la connexió de Barcelona amb Girona (tant des de Barcelona com des de Girona). També he mirat que el booleà que indica si està confinada passava a true, i si, per sort tot ha funcionat!!.

Després, he cridat aixecarConfinament() per veure si realment es tornava a les taxes originals. I sí, el codi ha funcionat i les ha recuperat :). Això em confirma que els meus mètodes estan correctes i son capaços de guardar bé les dades d'abans del confinament i recuperar-les després.

També he volgut provar el confinament tou, que només evita el contacte entre dues regions. Aquesta vegada, he fet que Girona deixés de tenir contacte amb Barcelona. I ha anat perfecte, només s'ha canviat la taxa externa, i la resta no ha canviat.

Per últim, he fet servir el mètode hiHaConfinamentAmb() per comprovar si entre elles hi havia realment aïllament, i m'ha tornat true, que és exactament el que volia.

#### - Sortida del codi:

```
--- ABANS DE CONFINAR ---
Taxa interna BCN: 0.5
Taxa externa BCN->GIR: 0.3
Taxa externa GIR->BCN: 0.3

--- DESPRÉS DE CONFINAMENT DUR ---
Taxa interna BCN: 0.1
Taxa externa BCN->GIR: 0.0
Taxa externa GIR->BCN: 0.0
Barcelona confinada? true

--- DESPRÉS D'AIXECAR CONFINAMENT ---
Taxa interna BCN: 0.5
Taxa externa BCN->GIR: 0.3
Taxa externa GIR->BCN: 0.3
Barcelona confinada? false
```

```
--- DESPRÉS DE CONFINAMENT TOU GIR->BCN ---
Taxa externa BCN->GIR: 0.0
Taxa externa GIR->BCN: 0.0
Girona confinada? false
--- COMPROVACIÓ CONFINAMENT ENTRE REGIONS ---
Hi ha confinament entre BCN i GIR? true
```

# Prova 4: Contagi entre regions amb i sense confinament (TestContagiAmbConfinament):

En aquesta prova volia comprovar si realment els confinaments tallaven el contagi entre dues regions, i que un cop es desconfina, aquest contagi torni a ser possible.

Per fer-ho, he creat dues regions connectades (RegioA i RegioB) i un virus fictici que ja havia fet servir en la prova 1. Per no haver de començar de zero, he reutilitzat exactament les mateixes dades d'infectats, contagiosos, malalts i morts que ja havia posat manualment abans, així les coneixia i era més fàcil analitzar els resultats de sortida. A més, he fet servir un mètode que m'he creat per afegir directament l'afectació amb aquests valors a RegioA.

#### Llavors, el que faig és:

- Avançar un dia amb les dues regions connectades i sense confinament, per veure si RegioB comença a rebre contagis.
- Després, aplico confinament dur a RegioA, que hauria d'evitar que es pugui contagiar cap regió veïna.
- Torno a avançar un dia i comprovo si RegioB s'ha mantingut igual.
- Finalment, desconfino RegioA i avanço un altre dia més, per veure si llavors sí que RegioB torna a rebre contagis.

# - Sortida del programa:

```
--- SENSE CONFINAMENT ---
Contagiosos RegioA: 380
Infectats RegioB: 71
Poblacio RegioB: 10000

[Confinament aplicat a RegioA]
--- AMB CONFINAMENT ---
Contagiosos RegioA: 357
Infectats RegioB: 71
Poblacio RegioB: 10000

[Confinament aixecat a RegioA]
--- DESPRÉS DE DESCONFINAR ---
Contagiosos RegioA: 354
Infectats RegioB: 105
Poblacio RegioB: 10000
```

Un cop executada la prova, he anat mirant per pantalla l'evolució dels contagiosos a RegioA i els infectats a RegioB. Els resultats han estat exactament els que esperava, i estic super contenta perquè això em confirma que el confinament funciona com ha de funcionar.

Inicialment, sense cap tipus de confinament, ja es veu clarament que RegioB comença a rebre nous contagis (passa a tenir 71 infectats), degut a que RegioA té molts contagiosos. Després, quan aplico el confinament dur, el contagi extern es talla completament i RegioB es manté amb els mateixos infectats (71), cosa que confirma que no hi ha hagut cap transmissió nova.

Finalment, un cop aixeco el confinament i avanço un altre dia, RegioB torna a rebre contagis i puja fins als 105 infectats. Això em demostra que realment s'estava fent el confinament (barrera que evita contagis) i quan el desconfinem, restaurem les taxes i es torna a contagiar.

Per tant, m'ha sortit tot com esperava i he pogut validar que el funcionament dels confinaments l'he fet bé :).

#### Prova 5: Prova per verificar que el nom de les mutacions canvia correctament, i també els paràmetres

Tot i que és molt simple, aquesta prova l'he fet per assegurar-me que, quan un virus muta (ja sigui per error de còpia o per coincidència), el nom del nou virus es genera com toca i que es guarda a la llista de mutacions del virus original.

Per començar, he creat un virus base que he fet mutar diverses vegades per error de còpia, i així he pogut veure si sortien noms com VirusIria\_1, VirusIria\_2, VirusIria\_3... tal com vull que passi. I ha funcionat perfecte!

Després també he fet una mutació per coincidència entre dos virus (VirusMireia i VirusRoman) per veure com es generava el nom combinat, i si realment quedava ben guardat dins la llista de mutacions dels dos. També m'ha servit per comprovar que cada cop que es repeteix la combinació, el nom es fa únic (\_1, \_2, etc.).

#### - Sortida del codi:

```
Mutacions per error de còpia:
 Mutacio 1: VirusIria_1
 Mutacio 2: VirusIria_2
 Mutacio 3: VirusIria_3
 Mutacio 4: VirusIria_4
 Mutacio 5: VirusIria_5
Mutacions per coincidència:
- Coincidència 1: VirusMireia_VirusRoman
 Coincidència 2: VirusMireia_VirusRoman_1
 Coincidència 3: VirusMireia_VirusRoman_2
Mutacions registrades a virusA:
 - VirusMireia_VirusRoman
- VirusMireia_VirusRoman_1
- VirusMireia_VirusRoman_2
Mutacions registrades a virusOriginal:
- VirusIria_1
- VirusIria_2
- VirusIria_3
  VirusIria_4
  VirusIria_5
```

Tot ha funcionat perfecte, i veiem que per exemple al de mutació per coincidència, el nom es fa per ordre alfabètic i de manera adecuada.

#### - Si ara veiem els valors dels virus mutats:

# Valors inicials:

```
new VirusARN( nom_virus: "VirusIria", fam, p_mal: 0.5, t_inc: 3, t_lat: 3, p_mor: 0.1, t_con: 4, p_con: 0.3, t_imm: 10, p_mutEC: 0.2);

VirusARN( nom_virus: "VirusRoman", fam, p_mal: 0.4, t_inc: 3, t_lat: 3, p_mor: 0.2, t_con: 5, p_con: 0.2, t_imm: 8, p_mutEC: 0.2);

VirusARN( nom_virus: "VirusRoman", fam, p_mal: 0.6, t_inc: 5, t_lat: 5, p_mor: 0.1, t_con: 3, p_con: 0.4, t_imm: 12, p_mutEC: 0.3);
```

# Valors després de la mutació:

```
--- MUTACIÓ PER ERROR DE CÒPIA ---
Nom nou virus: VirusIria_1
pMal: 0.455
pMor: 0.084
tCon: 3
pCon: 0.342
--- MUTACIÓ PER COINCIDÈNCIA ---
Nom nou virus: VirusMireia_VirusRoman
pMal: 0.4480098807085835
pMor: 0.17015281954278483
tCon: 4
pCon: 0.3421894064860539
tInc: 4
tLat: 4
tImm: 10
pMutEC: 0.25
```

Podem veure com efectivament els de mutació per error de copia canvien en funció d'aquest 20%, afirmant així que està funcionant correctament. Després, els d'error per coincidència, també funciona com hauria de funcionar. Per una banda, els quatre primers paràmetres canvien en funció d'un nombre aleatori, mentres que la resta, hauria de ser la mitjana aritmètica entre els paràmetres dels dos virus. Això és perfecte ja que és el que ha passat!! Per exemple:

```
- tInc = (5+3)/2 = 4
- tImm = (8+12)/2 = 10
```

# PROVES MÉS COMPLEXES

AMB SIMULACIÓ I FITXERS (PROVES GLOBALS)

# Prova 6: Provem la lectura del fitxer d'infectats inicials (MainProvesInfectatsInicials)

Aquesta prova s'ha fet per comprovar si el mòdul que hem fet de llegir el fitxer d'infectats inicials (estatInicial.txt) funciona correctament. L'objectiu era assegurar-nos que, tenint el fitxer amb l'estructura adequada, el programa és capaç de reconèixer les regions, associar-hi els virus corresponents i guardar el nombre d'infectats inicials de cada virus.

Per fer-ho, s'ha creat una classe de prova que li hem dit MainProvesInfectatsInicials, on hem creat un objecte de tipus LlegirFitxerInfectatsInicialsR i que després hem cridat al mètode llegirFitxer(). Per veure que realment està fent el que volem, hem imprès per pantalla totes les regions amb els seus virus i valors d'infectats, així com el mapa global de regions.

Estem molt contents perquè els resultats han estat els que esperàvem i volíem. Totes les regions i els virus s'han llegit correctament, els valors s'han guardat on tocava, i el mapa final de regions mostra exactament el que hi ha en el fitxer. A més, també hem pogut comprovar que el programa llença una excepció quan el format del fitxer és incorrecte.

# - Sortida del programa:



Prova 7 i 8: Fem el mateix amb els altres dos fitxers

Hem fet el mateix amb la resta de fitxers i hem comprovat que també es llegeixen bé i es guarda tot on s'hauria de guardar. La veritat que han sigut classes que no ens han donat errors i ha sigut molt gratificant veure que tot funcionava correctament. Ara ja no estem només comprovant les classes amb dades fictícies, sinó que estem veient que podem passar-li dades de fitxers i és capaç de guardar-les com a objectes nostres que després podrem utilitzar per a fer tots els càlculs.

#### **Prova 9:** Prova global de la simulació amb fitxers i confinaments (MainSimulacio)

Aquesta prova ha sigut la més important, ja que comprovem si la simulació sencera funciona bé a partir de dades reals llegides de fitxers. L'objectiu era assegurar-nos de que, amb la informació que ja sabem que llegeix bé dels fitxers, pot fer el control dels infectats, actualitzar els estats dels virus correctament, aplicar confinaments, simular l'evolució durant diversos dies i finalment mostrar bé les estadístiques finals. És a dir, tot allò que hem anat comprovant amb les proves anteriors i que hem fet amb dades fictícies i simples, volem veure com funciona amb les dades reals dels fitxers, les quals son moltes més i més complexes.

Per fer-ho, hem creat una altre classe de prova (MainSimulacio), que va seguint pas a pas tot el procés que hauria de fer el programa real.

# Primer de tot, carreguem les regions, virus i l'estat inicial d'infectats

El primer que fa el nostre codi és carregar les regions, els virus i l'estat inicial a partir dels seus fitxers corresponents. Fem el mateix que ja hem fet a les proves 7,8 i 9, mostrant els resultats. Això ens serveix per a poder tornar a veure que s'ha llegit tot correctament i que les dades inicials ja estan al sistema. Si hi hagues algun error de format, el codi ho detectaria i aturaria la simulació, mostrant l'error per pantalla.

#### Un cop tenim les nostres dades guardades correctament, mostrem la informació inicial de les regions

Un cop carregades totes les dades, mostrem per pantalla un resum de cadascuna de les regions, per poder veure quins virus hi ha i quines regions veïnes té.

#### Després, hem decidit que era una bona idea aplicar confinaments

Abans de començar la simulació, em provat dues situacions de confinament:

- Confinament dur a la regió metropolitana\_nord, que hauria de reduir la seva taxa de contacte interna i trencar els contactes amb totes les regions veïnes.
- Confinament tou entre girona i catalunya\_central, que hauria d'aturar només el contacte entre aquestes dues regions, mantenint la resta igual.

Amb això, basicament el que hem volgut és comprovar que els confinament es fan bé (això ja ho hem provat, però ara les dades són moltes més i no sabem si pot haver-hi algun problema quan ha de tenir en consideració tants objectes.

# Després, simulem una setmana (5 dies seguits). Tot i que hem provat un més, un dia, mig any...

Bàsicament, el que hem fet és cridar al mètode avancarDia() 5 vegades per simular l'evolució del virus. Després de cada dia, per poder veure com canvia cada cosa, doncs fem prints per a mostrar per pantalla que el dia s'ha completat. Això permet comprovar si, dia a dia, les dades s'actualitzen bé, i els valors canvien bé (nous infectats, malalts, morts, immunes...).

#### Després mostrem les estadístiques finals

Un cop han passat els 5 dies, mirem com ha quedat cada virus de cada regió:

- Infectats totals
- Malalts actuals
- Immunes actuals
- Contagiosos actuals
- Evolució dels malalts els últims 5 dies

Això ens permet analitzar si el virus s'ha anat expandint com s'esperava, si el confinament ha tingut efecte, i si les dades evolucionen de manera coherent.

#### Després, un cop hem verificat això, desconfinem les regions

Finalment, es criden els mètodes desconfinar() per treure els confinaments que s'havien aplicat al principi. Això serveix per veure si podem recuperar les taxes originals.

En resum, aquesta ha estat la prova més important, ja que ha sigut molt completa i ens ha servit per provar de manera CONJUNTA, totes les classes i les proves que haviem fet per separat.

Hem pogut comprovar que:

- La lectura dels fitxers funciona bé.
- Els confinaments afecten el comportament de la simulació com s'espera.
- L'evolució del virus es calcula bé dia a dia.
- Les dades que mostrem tenen sentit.
- No hi ha errors durant l'execució.

# Primer error trobat: nom de virus inconsistent entre fitxers:

```
=== CARREGANT DADES ===

Carregant regions...
Regions carregades: 9

Carregant virus...
Virus carregats: [Covid19, GripA, HepatitisB, SARS-CoV]

Carregant estat inicial...
catalunya_central
HepatitisB
Virus Trobat
Grip
Virus Trobat
ERROR carregant estat inicial: Cannot invoke "Virus.nom()" because "<parameter1>" is null
java.lang.NullPointerException: Cannot invoke "Virus.nom()" because "<parameter1>" is null
```

Intentant executar un test a Simulacio.java, m'he trobat que els virus definits a virus.txt són: Covid19, GripA, HepatitisB, SARS-CoV.

En canvi, a estatInicial.txt hi ha: Covid19, Grip, HepatitisB, SARS-CoV.

El fet que "Grip" i "GripA" siguin diferents ha provocat un error, ja que el virus "Grip" no estava a la base de dades carregada des de virus.txt, i per tant el sistema no el reconeixia. Això ha generat un problema en intentar carregar l'estat inicial i m'ha fet perdre força temps, perquè a simple vista semblava que es llegien malament les dades o que hi havia algun error en la lectura del fitxer.

He estat bastanta estona revisant mètodes i comprovant si els fitxers es llegien bé, pensant que el problema venia d'això. Però al final era només un problema de coherència en els noms. Un cop he posat el mateix nom als dos fitxers (per exemple, canviant "Grip" per "GripA" a estatInicial.txt), tot ha funcionat perfectament i s'ha pogut continuar amb la simulació.

#### Segon error trobat: errors interns a les classes durant la simulació

```
=== SIMULANT 30 DIES ===
Exception in thread "main" java.lang.IndexOutOfBoundsException
```

Han començat a sortir errors que venien de la resta de classes del projecte. Un dels primers que ens ha sortit ha estat un IndexOutOfBoundsException, que ens deia que s'estava intentant accedir a una posició inexistent d'una llista.

Aquest error no era gens clar al principi, perquè la simulació fa servir moltes classes diferents, i era difícil saber exactament d'on venia. Després de bastanta estona mirant on podia estar el problema, hem vist que l'error venia concretament de la classe AfectacioVirusRegio, i en concret de com s'inicialitzava una de les llistes internes (una de les que guarda les dades diàries com infectats, morts, etc.).

Pel que sembla, la llista no estava prou preparada per accedir a certes posicions (per exemple, quan intentava llegir infectats[k] i la llista no tenia encara prou elements), i això feia que petés.

Un cop localitzat el problema, s'ha pogut arreglar inicialitzant correctament la llista abans d'accedir-hi. Ha estat un error una mica pesat de trobar, però un cop solucionat, ja no ha tornat a sortir.

#### Tercer error: Mutacions inesperades – massa virus nous tot i que la fórmula sembla correcta

```
Virus: Covid19_1_1_1
Infectats totals: 2119
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Evolució malalts (últims 5 dies): []

Virus: Covid19_1_2
Infectats totals: 3773
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 3773
Evolució malalts (últims 5 dies): [0]

Virus: Covid19_1_2_1
Infectats totals: 3649
Malalts actuals: 0
```

```
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 0
Evolució malalts (últims 5 dies): []
Virus: Covid19 1 3
Infectats totals: 3707
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 0
Evolució malalts (últims 5 dies): []
Virus: Covid19 2
Infectats totals: 1500
Malalts actuals: 1302
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 1500
Evolució malalts (últims 5 dies): [1302, 0]
Virus: Covid19 2 1
Infectats totals: 1268
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 1268
Evolució malalts (últims 5 dies): [0]
Virus: Covid19 2 2
Infectats totals: 6343
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 0
Evolució malalts (últims 5 dies): []
```

*(...)* 

Aquesta prova s'ha fet per comprovar si el mètode de mutació per error de còpia funcionava bé dins la simulació global. La veritat és que ens hem trobat amb un comportament que no acabem d'entendre del tot i que ens ha fet bastanta ràbia, perquè tot i que creiem que la fórmula està ben aplicada, el resultat final és una explosió de virus mutats, sobretot a partir del Covid19.

El que fem és aplicar les mutacions després d'avançar el dia, tal com diu el guió. Ara bé, com que els virus nous que han aparegut aquell mateix dia també són de tipus ARN, també poden mutar a l'instant, i això fa que s'encadeni un munt de mutacions seguides. És a dir, no només muta el virus original, sinó també el virus mutat i el mutat del mutat... I això es repeteix cada dia.

Tot i haver revisat mil cops la fórmula de la mutació per error de còpia, i fins i tot haver fet proves aïllades on funcionava bé, a la pràctica dins la simulació ens trobem que apareixen moltíssims virus nous, i ens costa molt fer seguiment de què està passant exactament. A més, com que la fórmula diu que pm(V,D)=min(1,tm(V)·nc(V,D)), pot passar que nc(V,D) (nombre de nous contagis totals d'un virus en un dia) sigui molt gran, sobretot perquè el Covid19 està present a moltes regions. Això fa que el producte amb tm(V) (en aquest cas 0.001) acabi superant 1, i per tant pm val 1. Això vol dir que la mutació es fa segur, i com que el virus mutat també pot mutar... es torna a disparar el nombre de nous virus.

Hem intentat buscar si l'error podia estar en com es calculen o s'acumulen els nousContagis(), però no hem trobat cap incoherència clara. Les dades es van actualitzant correctament i la fórmula sembla ben implementada.

Tot i així, el fet que hi hagi tantíssimes mutacions, i que això generi centenars de virus amb noms com Covid19\_1\_2\_3\_1, ens complica molt la vida. Ens costa analitzar si tot està funcionant bé perquè l'escenari es descontrola de seguida. És una llàstima perquè sabem que moltes coses estan ben fetes, però aquest efecte inesperat fa que no s'apreciï com toca el bon funcionament del sistema. Ara estem pensant si hauríem de limitar d'alguna manera les mutacions, o impedir que els virus mutats puguin mutar el mateix dia.

#### - Sortida d'avançar un dia amb confinament:

```
=== CARREGANT DADES ====
Carregant regions...
Regions carregades: 9
Carregant virus...
Virus carregats: [Covid19, GripA, HepatitisB, SARS-CoV]
Carregant estat inicial...
catalunya central
HepatitisB
Virus Trobat
GripA
Virus Trobat
metropolitana nord
GripA
Virus Trobat
Covid19
Virus Trobat
metropolitana sud
GripA
Virus Trobat
Covid19
Virus Trobat
barcelona_ciutat
GripA
Virus Trobat
Covid19
Virus Trobat
SARS-CoV
Virus Trobat
Estat inicial carregat correctament
===REGIONS\ DISPONIBLES====
- alt pirineu i aran
Regions veïnes: catalunya_central, girona, lleida
- barcelona_ciutat
 Virus presents: Covid19, GripA, SARS-CoV
 Regions veïnes: metropolitana nord, metropolitana sud
- camp de tarragona
 Regions veïnes: catalunya_central, lleida, metropolitana_sud, terres_de_lebre
- catalunya central
```

Virus presents: GripA, HepatitisB

```
Regions veïnes: alt_pirineu_i_aran, camp_de_tarragona, girona, lleida, metropolitana_nord, metropolitana_sud
- girona
 Regions veïnes: alt pirineu i aran, catalunya central, metropolitana nord
- lleida
 Regions veïnes: alt_pirineu_i_aran, camp_de_tarragona, catalunya_central, terres_de_lebre
- metropolitana_nord
 Virus presents: Covid19, GripA
 Regions veïnes: barcelona_ciutat, catalunya_central, girona, metropolitana_sud
- metropolitana sud
 Virus presents: Covid19, GripA
 Regions veïnes: barcelona ciutat, camp de tarragona, catalunya central, metropolitana nord
- terres de lebre
 Regions veïnes: camp_de_tarragona, lleida
===APLICANT\ CONFINAMENTS===
=== SIMULANT 1 DIA ===
Dia 1 completat
=== ESTADÍSTIQUES FINALS ===
Regió: barcelona_ciutat
 Virus: Covid19
  Infectats totals: 418
  Malalts actuals: 0
  Immunes actuals: 0
  Contagiosos actuals: 321
  Evolució malalts (últims 5 dies): [0]
 Virus: Covid19_1
  Infectats totals: 12
  Malalts actuals: 0
  Immunes actuals: 0
  Contagiosos actuals: 0
  Evolució malalts (últims 5 dies): []
 Virus: GripA
  Infectats totals: 165
  Malalts actuals: 0
  Immunes actuals: 0
  Contagiosos actuals: 0
  Evolució malalts (últims 5 dies): [0]
 Virus: SARS-CoV
  Infectats totals: 23
  Malalts actuals: 0
  Immunes actuals: 0
  Contagiosos actuals: 0
  Evolució malalts (últims 5 dies): [0]
Regió: catalunya_central
 Virus: GripA
  Infectats totals: 237
  Malalts actuals: 0
  Immunes actuals: 0
  Contagiosos actuals: 0
  Evolució malalts (últims 5 dies): [0]
 Virus: HepatitisB
  Infectats totals: 33
```

Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0

Contagiosos actuals: 0

Evolució malalts (últims 5 dies): [0]

Regió: metropolitana\_nord

Virus: Covid19
Infectats totals: 156
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 156

Evolució malalts (últims 5 dies): [0]

Virus: GripA

Infectats totals: 452
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 0

Evolució malalts (últims 5 dies): [0]

Regió: metropolitana sud

Virus: Covid19
Infectats totals: 76
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 76

Evolució malalts (últims 5 dies): [0]

Virus: GripA

Infectats totals: 365
Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0
Contagiosos actuals: 0

Evolució malalts (últims 5 dies): [0]

#### $=== AIXECANT\ CONFINAMENTS ===$

Confinament dur aixecat Confinament tou aixecat Simulació completada amb èxit!

#### - Sortida d'avançar un dia sense confinament:

 $=== CARREGANT\ DADES ====$ 

Carregant regions...
Regions carregades: 9

Carregant virus...

Virus carregats: [Covid19, GripA, HepatitisB, SARS-CoV]

Carregant estat inicial...

 $catalunya\_central$ 

**Hepatitis**B

Virus Trobat

Grip A

Virus Trobat

metropolitana\_nord

Grip A

Virus Trobat

Covid19

Virus Trobat

metropolitana\_sud

Grip A

Virus Trobat Covid19 Virus Trobat barcelona ciutat GripAVirus Trobat Covid19 Virus Trobat SARS-CoV Virus Trobat Estat inicial carregat correctament  $===REGIONS\ DISPONIBLES===$ - alt\_pirineu\_i\_aran Regions veïnes: catalunya\_central, girona, lleida - barcelona ciutat Virus presents: Covid19, GripA, SARS-CoV Regions veïnes: metropolitana nord, metropolitana sud - camp de tarragona Regions veïnes: catalunya central, lleida, metropolitana sud, terres de lebre - catalunya\_central Virus presents: GripA, HepatitisB Regions veïnes: alt\_pirineu\_i\_aran, camp\_de\_tarragona, girona, lleida, metropolitana\_nord, metropolitana\_sud Regions veïnes: alt\_pirineu\_i\_aran, catalunya\_central, metropolitana\_nord - lleida Regions veïnes: alt pirineu i aran, camp de tarragona, catalunya central, terres de lebre - metropolitana nord Virus presents: Covid19, GripA Regions veïnes: barcelona\_ciutat, catalunya\_central, girona, metropolitana\_sud - metropolitana sud Virus presents: Covid19, GripA Regions veïnes: barcelona\_ciutat, camp\_de\_tarragona, catalunya\_central, metropolitana\_nord - terres de lebre Regions veïnes: camp de tarragona, lleida === SIMULANT 1 DIa === Dia 1 completat === ESTADÍSTIQUES FINALS === Regió: barcelona ciutat Virus: Covid19 Infectats totals: 430 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 321 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Virus: GripA Infectats totals: 165 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 0 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Virus: SARS-CoV Infectats totals: 23

Malalts actuals: 0
Immunes actuals: 0

Contagiosos actuals: 0 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Regió: catalunya central Virus: GripA Infectats totals: 237 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 0 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Virus: HepatitisB Infectats totals: 33 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 0 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Regió: metropolitana nord Virus: Covid19 Infectats totals: 776 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 156 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Virus: GripA Infectats totals: 452 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 0 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Regió: metropolitana sud Virus: Covid19 Infectats totals: 76 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0 Contagiosos actuals: 76 Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Virus: GripA Infectats totals: 365 Malalts actuals: 0 Immunes actuals: 0

Contagiosos actuals: 0

Evolució malalts (últims 5 dies): [0] Simulació completada amb èxit!

Veiem que no està funcionant de manera ideal, però tot està comprovat individualment, i ens fa ràbia perquè hi ha errors que no detectem. Ara bé, veiem diferències amb les sortides de metropolitana\_nord si fem confinament i si no en fem, indicant que alguna cosa sí que està fent bé. Ara bé, hi ha errors intermedis que tot i dedicar-li molt de temps a trobar-los, no els hem trobat.

# **CONCLUSIÓ FINAL**

Després d'haver fet totes aquestes proves, podem dir que en general, el nostre treball funciona bastant bé en moltes parts. Hem anat comprovant pas a pas cada part del projecte (cada classe, cada mètode, fòrmula...) primer amb dades inventades i després amb fitxers reals, i això ens ha permès detectar errors, entendre millor com s'estructuren les dades i assegurar-nos que tot s'estava actualitzant com voliem i com hauria de ser.

Ara bé, hem de ser realistes i és cert que hem vist que hi ha alguns errors dificils de detectar, com el tema de les mutacions encadenades o petits desajustos que fan que la sortida del nostre codi es descontroli una mica. Ens ha costat moltíssim trobar d'on venien alguns d'aquests problemes, i tot i que algunes coses encara ens fallen, el que sí tenim clar és que hem dedicat moltes hores a entendre-ho tot i a comprovar que les fórmules i les funcions que hem implementat siguin correctes.

Ens sap greu que alguns d'aquests errors facin que no s'acabi de veure tot el que realment funciona, però també estem contents perquè hem après molt i creiem que la base està ben feta. Per això, tot i que no està perfecte i que ens hagués agradat acabar sense cap error, amb la quantitat de mètodes i de fórmules que hem hagut de tenir en compte, i tota la feina que hem fet, doncs estem molt orgullosos del resultat i de tot el procés que hem seguit.

**Annex: Codis de les proves** 

#### Prova 1: ProvaIriaAfectacio

```
import java.util.ArrayList;
  public static void main(String[] args) {
      Regio r = new Regio("TestLand", 10000, 0.2);
      AfectacioVirusRegio afr = new AfectacioVirusRegio(v, r, 0);
      List<Integer> infectats no contagiosos = new ArrayList<>();
      infectats no contagiosos.add(200);
      infectats no contagiosos.add(90);
      List<Integer> contagiosos = new ArrayList<>();
      contagiosos.add(100);
      morts.add(0);
      morts.add(0);
```

```
afr.posar infectats prova(infectats no contagiosos);
afr.posar malalts prova(malalts);
afr.posar morts prova(morts); // representem a, b, c com 0 per simplificar
afr.posar contagiosos prova(contagiosos); // per evitar errors interns
System.out.println("== INFECTATS NO CONTAGIOSOS INICIALS ==");
System.out.println(afr.dona_infectats_no_contagiosos());
System.out.println("== INFECTATS INICIALS ==");
System.out.println(afr.dona contagiosos());
System.out.println("== MALALTS INICIALS ==");
System.out.println(afr.dona malalts());
System.out.println("== TOTALS INICIALS ==");
System.out.println("Total malalts: " + afr.dona totalMalalts());
System.out.println("Total morts: " + afr.dona totalMorts());
System.out.println("Total infectats: " + afr.dona totalInfectats());
afr.avançarUnDia();
System.out.println(" ");
System.out.println("AVANÇEM UN DIA :)");
System.out.println(" ");
System.out.println("== INFECTATS NO CONTAGIOSOS ==");
System.out.println(afr.dona infectats no contagiosos());
System.out.println("== INFECTATS ==");
System.out.println(afr.dona contagiosos());
System.out.println(afr.dona malalts());
System.out.println(afr.dona_mortsDiaries());
System.out.println("Total malalts: " + afr.dona totalMalalts());
System.out.println("Total morts: " + afr.dona totalMorts());
System.out.println("Total infectats: " + afr.dona totalInfectats());
```

#### Prova 2: ProvaMutacioCoincidencia

```
import java.util.ArrayList;
  public static void main(String[] args) {
      FamiliaVirus f = new FamiliaVirus("FamiliaAuladell", 0.15, 10);
      Regio r = new Regio("IriaLand", 10000, 0.2);
      r.afegirNovaAfectacio(A, 3000); // 3000 infectats inicials d'A
      r.afegirNovaAfectacio(B, 4000); // 4000 infectats inicials de B
      AfectacioVirusRegio afA = r.esta present virus a la regio(A);
      AfectacioVirusRegio afB = r.esta present virus a la regio(B);
      List<Integer> infectatsA = new ArrayList<>();
      infectatsA.add(3000);
      afA.posar malalts prova(new ArrayList<Integer>());
      afA.posar morts prova(new ArrayList<Integer>());
      afA.posar contagiosos prova(new ArrayList<Integer>());
      List<Integer> infectatsB = new ArrayList<>();
      afB.posar infectats prova(infectatsB);
      afB.posar malalts prova(new ArrayList<Integer>());
      afB.posar contagiosos prova(new ArrayList<Integer>());
      List<Integer> contA = new ArrayList<>();
      afA.posar contagiosos prova(contA);
      List<Integer> contB = new ArrayList<>();
      contB.add(4000);
      afB.posar contagiosos prova(contB);
```

```
r.comprovarMutacionsPerCoincidencia();

System.out.println("=== RESULTATS DESPRÉS DE MUTACIÓ PER COINCIDÈNCIA ===");
for (Virus v : r.afectacionsPresentes()) {
        System.out.println("- Virus: " + v.nom());
        AfectacioVirusRegio af = r.esta_present_virus_a_la_regio(v);
        System.out.println(" Infectats: " + af.dona_infectats_no_contagiosos());
        System.out.println(" Total infectats: " + af.dona_totalInfectats());
        System.out.println(" Total infectats: " + af.nousContagios());
}
}
```

#### **Prova3: ProvaConfinament**

```
oublic class ProvaConfinament {
  public static void main(String[] args) {
      Regio barcelona = new Regio("Barcelona", 1000000, 0.5);
      Regio girona = new Regio ("Girona", 150000, 0.4);
      barcelona.afegirRegioVeina(girona, 0.3);
      girona.afegirRegioVeina(barcelona, 0.3);
      System.out.println("\n--- ABANS DE CONFINAR ---");
      System.out.println("Taxa interna BCN: " + barcelona.taxaInternaContacte());
                              System.out.println("Taxa externa BCN->GIR:
barcelona.taxaExternaContacte(girona));
                               System.out.println("Taxa externa GIR->BCN:
girona.taxaExternaContacte(barcelona));
      barcelona.aplicarConfinamentDur(0.1);
      System.out.println("Taxa interna BCN: " + barcelona.taxaInternaContacte());
                               System.out.println("Taxa externa BCN->GIR:
barcelona.taxaExternaContacte(girona));
                               System.out.println("Taxa externa GIR->BCN:
girona.taxaExternaContacte(barcelona));
      System.out.println("Barcelona confinada? " + barcelona.estaEnConfinament());
      barcelona.aixecarConfinament();
      System.out.println("\n--- DESPRÉS D'AIXECAR CONFINAMENT ---");
      System.out.println("Taxa interna BCN: " + barcelona.taxaInternaContacte());
barcelona.taxaExternaContacte(girona));
      System.out.println("Barcelona confinada? " + barcelona.estaEnConfinament());
```

#### Prova4: TestContagiAmbConfinament

```
import java.util.ArrayList;
      Regio regA = new Regio("RegioA", 10000, 0.2);
      regA.afegirRegioVeina(regB, 0.3);
      regB.afegirRegioVeina(regA, 0.3);
      AfectacioVirusRegio afr = new AfectacioVirusRegio(virus, regA, 0);
      List<Integer> infectats no contagiosos = new ArrayList<>();
      infectats no contagiosos.add(200);
      infectats no contagiosos.add(100);
      List<Integer> contagiosos = new ArrayList<>();
      contagiosos.add(90);
      List<Integer> malalts = new ArrayList<>();
      List<Integer> morts = new ArrayList<>();
```

```
morts.add(0);
afr.posar infectats prova(infectats no contagiosos);
afr.posar malalts prova(malalts);
afr.posar morts prova(morts);
afr.posar contagiosos prova(contagiosos);
regA.afegirAfectacioProva(virus, afr); // no volem sumar més infectats
regA.avancarDia();
System.out.println("Infectats RegioB: " + regB.nombreInfectats(virus));
System.out.println("\n[Confinament aplicat a RegioA]");
regA.avancarDia();
System.out.println("\n--- AMB CONFINAMENT ---");
System.out.println("Contagiosos RegioA: " + regA.nombreContagiosos(virus));
System.out.println("Infectats RegioB: " + reqB.nombreInfectats(virus));
System.out.println("Poblacio RegioB: " + regB.poblacio());
System.out.println("\n[Confinament aixecat a RegioA]");
regA.avancarDia();
System.out.println("\n--- DESPRÉS DE DESCONFINAR ---");
System.out.println("Contagiosos RegioA: " + regA.nombreContagiosos(virus));
System.out.println("Infectats RegioB: " + regB.nombreInfectats(virus));
```

#### **Prov 5.1: ProvaNomMutacions**

```
import java.util.List;
public class ProvaNomMutacions {
  public static void main(String[] args) {
      FamiliaVirus fam = new FamiliaVirus("FamAuladell", 0.2, 20);
      System.out.println("Mutacions per error de còpia:");
          System.out.println("- Mutacio " + i + ": " + mutat.nom());
      VirusARN virusB = new VirusARN("VirusRoman", fam,
          System.out.println("- Coincidència " + i + ": " + virusMutat.nom());
      List<VirusARN> mutacions = virusA.obtenirMutacions();
          System.out.println("- " + v.nom());
      System.out.println("\nMutacions registrades a virusOriginal:");
      List<VirusARN> mutacionsErrorCopia = virusOriginal.obtenirMutacions();
      for (VirusARN v : mutacionsErrorCopia) {
          System.out.println("- " + v.nom());
```

#### Prova 5.2: ProvaCanviValorsMutacio

```
import java.util.List;
public class ProvaCanviValorsMutacio {
  public static void main(String[] args) {
         VirusARN virusBase = new VirusARN("VirusIria", fam, 0.5, 3, 3, 0.1, 4, 0.3, 10,
      VirusARN mut1 = virusBase.mutacio();
      System.out.println("--- MUTACIÓ PER ERROR DE CÒPIA ---");
      System.out.println("pMor: " + mut1.taxaMortalitat());
      System.out.println("tCon: " + mut1.tempsContagi());
      System.out.println("pCon: " + mut1.taxaContagi());
      System.out.println("\n--- MUTACIÓ PER COINCIDÈNCIA ---");
      System.out.println("pMal: " + virusMutat.probDesenvoluparMalaltia());
      System.out.println("pMor: " + virusMutat.taxaMortalitat());
      System.out.println("pCon: " + virusMutat.taxaContagi());
      System.out.println("tInc: " + virusMutat.tempsIncubacio());
      System.out.println("tLat: " + virusMutat.tempsLatencia());
      System.out.println("tImm: " + virusMutat.tempsImmunitat());
      System.out.println("pMutEC: " + virusMutat.probabilitatMutacioErrorCopia());
```

#### Prova 6: MainProvesInfectatsInicials

```
.mport java.io.IOException;
public class MainProvesInfectatsInicials {
  public static void main(String[] args) {
      String pathFitxer = "estatInicial.txt";
          System.out.println("Llegint fitxer: " + pathFitxer);
          List<EstatInicialLlegit> resultat = lector.llegirFitxer(pathFitxer);
          System.out.println("\nRegions amb infectats inicials:");
          for (EstatInicialLlegit estat : resultat) {
              System.out.println("\nRegió: " + estat.nomRegio);
              System.out.println("Virus i infectats inicials:");
              for (Map.Entry<String, Integer> entry : estat.virusInicials.entrySet()) {
          System.out.println("\nMapa complet de regions:");
          Map<String, EstatInicialLlegit> mapaRegions = lector.obtenirMapaRegions();
          for (String nomRegio : mapaRegions.keySet()) {
              System.out.println("- " + nomRegio);
      } catch (IOException e) {
          System.err.println("Error llegint el fitxer: " + e.getMessage());
          e.printStackTrace();
```

```
.mport java.io.IOException;
oublic class MainProvesLlegirRegions {
  public static void main(String[] args) {
      LlegirFitxerRegionsR lector = new LlegirFitxerRegionsR();
      String pathFitxer = "regions.txt";
          System.out.println("Llegint fitxer: " + pathFitxer);
          lector.llegirFitxer(pathFitxer);
          System.out.println("\nRegions llegides correctament:");
          Map<String, RegioLlegida> mapaRegions = lector.vectorRegionsLlegides();
          for (RegioLlegida regio : mapaRegions.values()) {
              System.out.println("\nRegió: " + regio.nom);
              System.out.println("Taxa mobilitat interna: " + regio.taxaMobInt);
              System.out.println("Regions veïnes:");
              for (Map.Entry<String, Double> veina : regio.veins.entrySet()) {
                             System.out.println(" - " + veina.getKey() + " (taxa: " -
veina.getValue() + ")");
      } catch (IOException e) {
          System.err.println("Error llegint el fitxer: " + e.getMessage());
          e.printStackTrace();
```

Prova 8: MainProvesLlegirVirus

```
.mport java.io.IOException;
oublic class MainProvesLlegirVirus {
  public static void main(String[] args) {
      String pathFitxer = "virus.txt"; // Canvia pel teu fitxer de prova
          System.out.println("Llegint fitxer: " + pathFitxer);
          Map<String, Map<String, ?>> dades = lector.llegirFitxer(pathFitxer);
              Map<String, FamiliaVirusLlegit> families = (Map<String, FamiliaVirusLlegit>)
          for (Map.Entry<String, FamiliaVirusLlegit> entry : families.entrySet()) {
              FamiliaVirusLlegit familia = entry.getValue();
              System.out.println("\nFamilia: " + familia.nom);
                             System.out.println("Probabilitat mutació coincidència: "
familia.probMutCoincidencia);
              System.out.println("TPC maxim variació: " + familia.tpcMaximVariacio);
          @SuppressWarnings("unchecked")
          Map<String, VirusLlegit> virus = (Map<String, VirusLlegit>) dades.get("virus");
          for (Map.Entry<String, VirusLlegit> entry : virus.entrySet()) {
              VirusLlegit v = entry.getValue();
              System.out.println("Família: " + v.familia);
              System.out.println("Període incubació: " + v.incubacio + " dies");
              System.out.println("Durada immunitat: " + v.duradaImmunitat + " dies");
              System.out.println("Mortalitat: " + v.mortalitat);
              System.out.println("Taxa contagi: " + v.taxaContagi);
              if (v.tipus.equals("ARN")) {
```

```
} catch (IOException e) {
        System.err.println("Error llegint el fitxer: " + e.getMessage());
        e.printStackTrace();
    }
}
```

# Prova 9: MainSimulacio

```
import java.util.List;
```

```
public class MainSimulacio {
  public static void main(String[] args) {
      System.out.println("=== CARREGANT DADES ===");
      System.out.println("Carregant regions...");
      List<String> regions = simulacio.mostrarRegionsActuals();
      simulacio.carregarVirus("virus.txt");
      System.out.println("Virus carregats: " + simulacio.obtenirNomsVirus());
      System.out.println("\nCarregant estat inicial...");
          simulacio.carregarEstatInicial("estatInicial.txt");
          System.out.println("Estat inicial carregat correctament");
       } catch (Exception e) {
          System.err.println("ERROR carregant estat inicial: " + e.getMessage());
      System.out.println("\n=== REGIONS DISPONIBLES ===");
          System.out.println("- " + regio);
          if (!virusRegio.isEmpty()) {
              System.out.println(" Virus presents: " + String.join(", ", virusRegio));
          List<String> veins = simulacio.mostrarRegionsVeines(regio);
      System.out.println("\n=== APLICANT CONFINAMENTS ===");
       simulacio.afegirConfinament("girona", "catalunya central"); // Confinament tou entre
      System.out.println("\n=== SIMULANT 5 DIES ===");
          System.out.println("Dia " + (i+1) + " completat");
      System.out.println("\n=== ESTADÍSTIQUES FINALS ===");
      for (String regio : regions) {
          List<String> virusRegio = simulacio.mostrarVirusRegio(regio);
          if (!virusRegio.isEmpty()) {
              System.out.println("\nRegió: " + regio);
              for (String virus : virusRegio) {
                   System.out.println(" Virus: " + virus);
simulacio.nombreInfectats(regio, virus));
simulacio.nombreMalalts(regio, virus));
```