

Pandèmies: aplicacions del model SIR

L'ouafi Guennouni, Ismael

Grau d'Enginyeria Informàtica, Escola Politècnica Superior d'Enginyeria de Vilanova i la Geltrú (EPSEVG), Universitat Politècnica de Catalunya (UPC)

Resum

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

Paraules clau

Model matemàtic d'una epidemia, Equacions diferencials ordinàries (EDO), propagació, pandèmies, model SIR, simulacions, Malaltia infecciosa, prevenció, COVID-19, Model compartimental.

Abstract

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

Keywords

mathematical model of an epidemic, ordinary differential equations (ODE), propagation, pandemics, SIR model, simulations, infection, prevention, COVID-19, compartmental model.

1. Introducció

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

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

El que proposem en el següent treball és una investigació dels models compartimentals en concret del model SIR i els paràmetres que podem aplicar-li. Volem avaluar el seu potencial, limitacions i entendre el seu context al llarg de la història i d'aquesta manera comprendre amb força amplitud el model per a implementar-ho en un programa que visualitzi l'evolució d'una epidèmia juntament amb alguns paràmetres clau que ens permeten comprendre amb més profunditat les diferents dinàmiques que adopta una epidèmia al llarg de la seva existència. [3]

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

Sintetitzant més els objectius d'aquesta tesi, el propòsit final és el de desenvolupar una cerca i adaptació del model SIR que pugui ser escalat a un projecte més gran amb la infinitat de possibilitats que tenim d'avui dia per a recopilar i tractar informació de tot tipus que serveix per a predir amb la major precisió possible les dinàmiques que tindrà un brot epidèmic. [4]

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

- **Pandèmia:** S'entén com a pandèmia a quan s'esdevé l'aparició d'un agent infecciós a més d'un continent i a condició que els nous casos dins d'una zona o país siguin deguts per transmissió entre la mateixa població, és a dir, les noves infeccions no venen per individus externs o aliens a aquesta població.

- **Epidèmia:** S'esdevé una epidèmia quan el ritme de transmissió d'una malaltia infecciosa té un ràpid augment dels contagis de forma constant i descontrolada.

- **Brot epidèmic:** Es tracta de l'aparició sobtada d'un agent infecciós en un lloc i moment donats.

- **Malaltia infecciosa:** són aquells microorganismes que tenen la capacitat de transmetre's entre individus. Aquests microorganismes solen ser virus, bacteris, fongs i paràsits.

- **Epidemiologia:** És la ciència que estudia les dinàmiques de propagació i les característiques que tenen les malalties infeccioses a la societat.

- **Model matemàtic:** Es tracta d'un model que utilitza fórmules matemàtiques per representar diferents paràmetres que ens permeten entendre la idiosincràsia d'un agent patògen.

- **Model epidemiològic:** És el conjunt de tècniques que permeten adaptar els models matemàtics a les dinàmiques d'un brot per a aconseguir un model acotat a un cas concret d'epidèmia.

2. MODELS COMPARTIMENTALS

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

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

- **Model autoregressiu:** Permet fer prediccions mitjançant una combinació lineal de valors passats que han tingut les variables del mateix model.

- **Model autoregressiu integrat de mitjana mòbil (ARIMA):** És un model estadístic lineal que busca patrons a l'històric de dades, i d'aquesta forma pot simular els efectes que pot tenir una epidèmia en un futur.

- **Xarxes neuronals:** Aquí es busca simular el raonament del cervell humà mitjançant intel·ligència artificial per a fer prediccions. Esmentarem dos tipus:

1. **Memòria a llarg-curt termini (Long short-term memory):** És capaç de recordar estats previs que l'ajuden a reduir la probabilitat d'error per a estats futurs.

2. **Unitats recurrents tancades (Gate Recurrent Unit):** Implementa una estratègia li permet mantenir la informació rellevant i transmetre-la a pròxims estats.

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

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

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

2.1 MODELS DETERMINISTES

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

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

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

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

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

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

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

Avantatges:

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

Desavantatges:

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

2.1 MODELS ESTOCÀSTICS

Els models estocàstics són un tipus de model matemàtic utilitzat per a estudiar les malalties infeccioses, un procés estocàstic és un conjunt de variables aleatòries que depèn d'un paràmetre o d'un argument. En l'anàlisi de sèries temporals, aquest paràmetre és el temps. Aquests models es basen en la teoria de la probabilitat i són útils per a modelitzar la propagació de malalties infeccioses en una població. Els models estocàstics són especialment útils per a modelar sistemes complexos amb molts components que interactuen entre si mateixos, en els quals el comportament dels components individuals és força impredecible [3].

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

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

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

Els models estocàstics poden ser més difícils de modelar que els models deterministes, i els resultats a vegades poden ser força aleatoris. No obstant, aquests models són

útils per a tindre en compte la variabilitat i l'heterogeneïtat d'un nucli poblacional. Cap afegir que és important utilitzar models estocàstics juntament amb altres enfocaments de modelització com els models deterministes, per a obtenir una comprensió més àmplia i completa de la dinàmica de la malaltia.

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

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

3. MODEL SIR

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

(1) S: Susceptible

$$(dS(t))/dt = -\beta S(t)I(t)$$

(2) I: Infectat

$$(dI(t))/dt = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t)$$

(3) R: Recuperat

$$(dR(t))/dt = \gamma I(t)$$

Taxa de transmissió:

β (beta)

Taxa de recuperació:

γ (gamma)

Nombre total de població:

N

Consideracions:

En el model ordinari de la primera equació es dona per descomptat que no hi ha naixements ni morts.

Al començament del brot o epidèmia ($t = 0$) suposem que la població està totalment constituïda per individus susceptibles i un sol individu infecciós.

S'ha de complir en tot cas que la població total sigui el sumatori dels tres compartiments.

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

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

$$\beta/\gamma > 1$$

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

$$dI/dt > 0$$

β/γ és el nombre d'infeccions noves per unitat de temps, multiplicat pel temps que dura la infecciositat, i amb això podem saber el nombre d'infeccions noves que es van originar de l'individu infectat inicialment o cas índex (erròniament conegut com a pacient zero). Així mateix la raó β/γ és el nombre reproductiu bàsic.

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

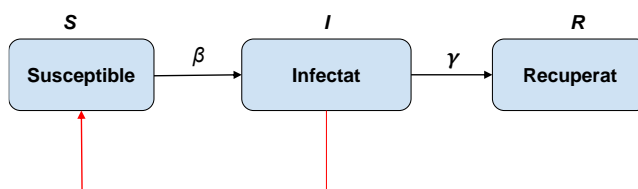


Figura 1 Diagrama del flux del model SIR Font: autoria pròpia

3.1 NOMBRE REPRODUCTIU BÀSIC

El nombre reproductiu bàsic, també anomenat ritme bàsic de reproducció o ràtio reproductiva bàsica, és un paràmetre epidemiològic essencial per a descriure la contagiositat d'una malaltia. Es tracta de l'estimació de la velocitat amb la que es propaga un agent patògen en una determinada població. En concret, representa el nombre mitjà d'infeccions secundàries que resulten d'un sol individu infectat en una població susceptible. En altres paraules, és una mesura de quantes persones és probable que infecti una persona infectada durant el el li duri la seva malaltia. Gràcies a aquest paràmetre i juntament amb altres també importants, ja que el nombre reproductiu bàsic per si mateix no és un paràmetre definitori com per a entendre amb una fiabilitat molt alta la forma amb la que es desenvolupa una epidèmia, som capaços de prendre decisions amb la suficient antelació com per a frenar la propagació d'una malaltia [4].

$$R_0 = \beta/\gamma$$

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

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

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

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

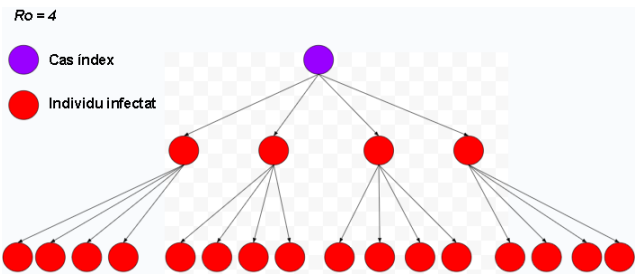


Figura 2 Figura a on es mostra el flux de propagació per a un valor de $R_0 = 4$ Font: autoria pròpia [5]

3.2 PARÀMETRES IMPORTANTS

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

Taula 1 Paràmetres importants del COVID-19 Font: autoria pròpia

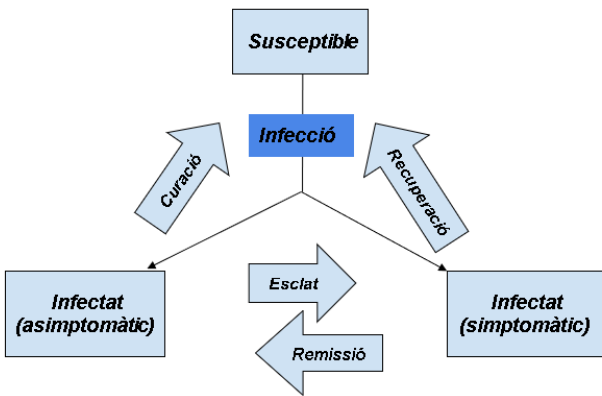


Figura 3 Cicle exemplar de les estades d'un individu durant una epidèmia. Font: autoria pròpia

4. EXECUCIÓ I RESULTATS DEL PROGRAMA

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

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

Paràmetres per: Regne Unit

$R_0 = 2.7$

TempsX2 = 5 dies

Taxa de transmissió = 0.22

Final de la simulació: t = 160 dies

Percentatge de la població no infectada, S = 9 %

Percentatge de la població infectada, I = 0 %

Percentatge de recuperats, R = 91 %

Percentatge infectats al pic de la pandèmia 26 %

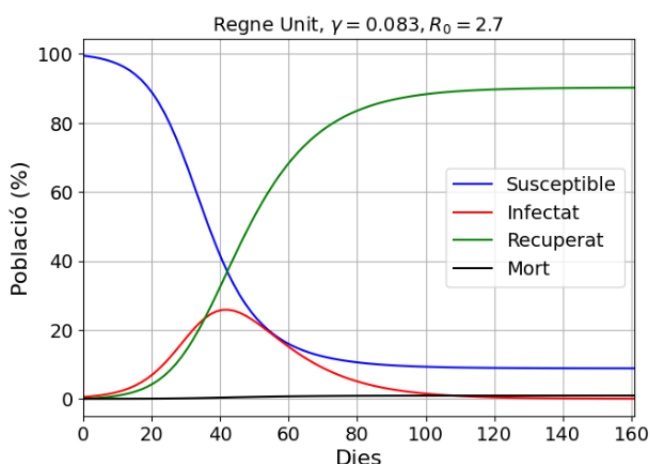
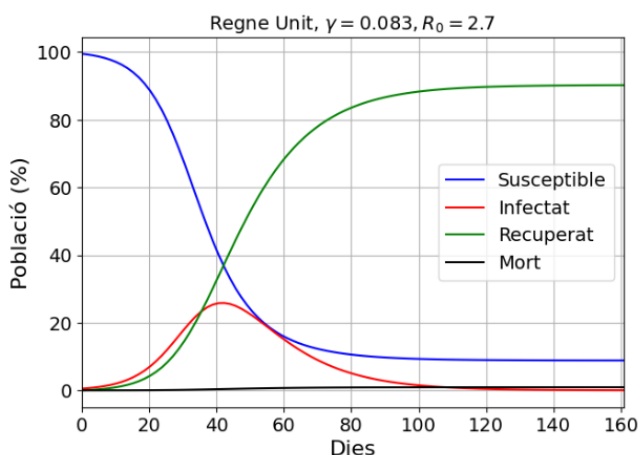
Número total de morts = 347062

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

Paràmetres genèrics:

Taxa de recuperació = 0.083

Taxa de mortalitat = 0.0056



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

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

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

Els resultats d'aquesta simulació són força acurats en comparació amb la simulació realitzada per Pranati Rakshit, Soumen Kumar, Samad Noeiaghdam, Unai Fernandez-Gamiz, Mohamed Altanji, Shyam Sundar Santra amb una adaptació del model SIR bastant més complexa. Es tracta d'un model *Susceptible - Exposed - Infected - Asymptomatic - Quarantined - Fatal - Recovered (SEIAQFR)* [6], que és un model més acurat en tindre en compte més factors i paràmetres com els d'un individu exposat, asimptomàtic, en quarantena i els fatals.

4.1 LIMITACIONS I PRESA DE DECISIONS

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

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

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

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

5. Conclusions

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

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

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

6. AGRAÏMENTS

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

Referències

- [1] *ORGANITZACIÓ MUNDIAL DE LA SALUT. Cronologia: Resposta de l'OMS al COVID-19*
https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/interactive-timeline?gclid=Cj0KCQjw4ImEBhDFARIsAGOTMj_eF3GrBdGHTE23ddezMRGK83UpWfMC6Wz5Y-GNRcSdg1Dmc46RYWYAn_0EALw_wcB# [Consultat 15/09/2023]
- [2] worldometer, *PANDÈMIA DE CORONAVIRUS COVID-19*
<https://www.worldometers.info/coronavirus/#countries>
[Consultat 15/09/2023]

- [3] Carsten Kirkeby, Tariq Halasa, Maya Gussmann, Nils Toft i Kaare Græsbøll.

Methods for estimating disease transmission rates: Evaluating the precision of Poisson regression and two novel methods

<https://www.nature.com/articles/s41598-017-09209-x>

[Consultat 15/09/2023]

- [4] WIKIPEDIA. Nombre reproductiu bàsic

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

[Consultat 15/09/2023]

- [5] WIKIPEDIA. Cas índex

https://ca.wikipedia.org/wiki/Cas_%C3%ADn%C3%A9x

[Consultat 15/09/2023]

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

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

[Consultat 15/09/2023]