

Conceptos y herramientas de epidemiología matemática para analizar la pandemia de COVID-19

Concepts and tools of mathematical epidemiology to analyse the COVID-19 pandemic

Daniel López Codina¹, Clara Prats Soler^{1,2}

¹Grup d'investigació en Biologia Computacional i Sistemes Complexos, Universitat Politècnica de Catalunya.

²Centre de Medicina Comparativa i Bioimatge, Institut de Recerca en Ciències de la Salut Germans Trias i Pujol.

La COVID-19 ha sido y es un terremoto que sacude la sociedad. Estamos ante un enorme reto con muchas caras: la sanitaria, la social, la educativa, la científica, la económica, ... Uno de los actores fundamentales para afrontar estos retos son los epidemiólogos, personas que hace décadas que trabajan en el control de epidemias con una perspectiva holística, que tienen en consideración aspectos médicos y al mismo tiempo aspectos sociales. También son actores fundamentales el personal sanitario y los agentes de salud comunitaria, entre otros. En este contexto, físicos, matemáticos e ingenieros debemos poner nuestras habilidades y conocimientos al servicio de la sociedad escuchando y atendiendo a las peticiones y recomendaciones de los actores implicados.

El terremoto ha hecho descubrir la epidemiología y la salud pública a una parte muy importante de la población. En particular, muchos han descubierto la existencia de la epidemiología matemática (EM)¹. La pandemia ha puesto de manifiesto las fortalezas y debilidades de esta disciplina.

Epidemiología matemática

El objetivo de los epidemiólogos es, en primer lugar, comprender las causas de una enfermedad y su dinámica epidemiológica; después, predecir la evolución poblacional; así como, desarrollar e implementar estrategias de control. En este proceso, el primer paso es obtener y analizar los datos observados para

COVID-19 has been, and continues to be, an earthquake sending tremors throughout society. It represents an enormous challenge for us on several fronts: healthcare, the social domain, education, scientific progress, and the economy, to cite but a few. Epidemiologists are leading players in facing this challenge; for decades they have worked on the control of epidemics with a holistic approach, considering not only medical questions but also the social ramifications of contagious disease. Also on the front lines are healthcare personnel and community health workers, among others. Against this background, physicists, mathematicians, and engineers must place our abilities and know-how at the disposal of society, paying heed to both the requests and the recommendations that come our way from those doing battle at the front.

A large segment of the population has come to learn quite a bit about epidemiology and the workings of public health as a consequence of this viral earthquake. In particular, many have discovered mathematical epidemiology¹. The pandemic has placed both the strengths and weaknesses of this discipline in the limelight.

Mathematical epidemiology (ME)

The aim of epidemiologists is, first and foremost, to come to understand the causes of an illness and its epidemiological dynamics. After this the target is to predict its evolution in a population, and to develop and implement strategies for its containment. In this process, the first step is to obtain and analyze observable data so as to move

Correspondencia: Clara Prats Soler
E-mail: clara.prats@upc.edu

avanzar hacia la comprensión del comportamiento del sistema. Precisamente esta es la primera finalidad de la EM. La utilización de modelos matemáticos es una herramienta muy importante para predecir el comportamiento epidemiológico y para evaluar las posibles estrategias de control. Esta es la segunda finalidad de la EM.

Obtener los datos está siendo uno de los retos más importantes en esta crisis, desde la falta de un sistema unificado de adquisición de datos y de sistemas de información hasta la dificultad de publicarlos han sido y son dificultades importantes. Deberíamos poder disponer de datos a todos los niveles para poder analizar y entender la dinámica del sistema, desde el número de diagnósticos hasta la información detallada (y anonimizada) de las cadenas de contagios.

En EM clásica se utilizan de forma casi generalizada modelos estructurados en compartimentos (SIR, SEIR, ...), basados en las relaciones desde la perspectiva epidemiológica entre personas susceptibles y personas infecciosas. Estos modelos pueden ser simples y pueden llegar a ser muy complejos. Al inicio de la crisis ya constatamos que los modelos estructurados en compartimentos no eran los modelos adecuados para hacer previsión en esta pandemia. La relación entre el número de personas susceptibles y el número de personas infecciosas en ningún momento ha sido determinante para objetivar la dinámica de la pandemia, sino que el comportamiento epidemiológico ha sido determinado por las medidas de control (confinamientos domiciliarios, limitaciones a la movilidad, ...). Por otra parte, la falta de conocimientos de una enfermedad nueva y de información detallada de sus parámetros característicos hacía imposible calibrar los modelos, desde los más simples a los más complejos. A pesar de estas limitaciones, otro tipo de modelos permitieron hacer previsiones: los modelos empíricos. Estos modelos están basados en el análisis de series temporales con métodos más o menos sofisticados, desde modelos clásicos de la demografía hasta herramientas de la inteligencia artificial. En nuestro caso, como grupo de investigación, siguiendo el Principio de Parsimonia y buscando el modelo más sencillo posible, optamos por evaluar la bondad del modelo de Gompertz². Este es un modelo clásico en demografía, parecido al modelo logístico. En el modelo de Gompertz, la velocidad específica de crecimiento disminuye exponencialmente con el tiempo, y es lo que esperábamos que pasara como consecuencia de las medidas de control. Comprobamos que los ajustes y previsiones eran satisfactorios para estudiar los comportamientos observados inicialmente en China y posteriormente en los países europeos.

Constatamos que las previsiones a 5 días tenían una calidad excelente, y que las previsiones a medio plazo tienen sentido para pronosticar tendencias una vez el sistema está acercándose al

towards comprehension of the behavior of the system. This is the first goal of ME. Mathematical models represent an important tool for predicting epidemiological behavior and for assessing possible strategies of containment—the second goal of ME.

Obtaining data has been one of the greatest challenges in the current crisis for a number of reasons, from the lack of a unified system for data acquisition and its treatment, to problems in their publication. We need to be able to acquire data at all levels for analysis and to get a better grip on the dynamics of the system, from the number of diagnosed cases to detailed (anonymised) information about the chain of infection.

Classical ME generally makes use of compartmentalized structural models (SIR, SEIR, etc.) based on the relations, from an epidemiological perspective, between susceptible people and infected people. These models may be either simple or complex. At the outset of the crisis it was clear to us that these compartmentalized structural models did not permit us to make accurate predictions about this pandemic. The relation between the number of susceptible people and the number of infectious people has never been a determining factor in objectifying the dynamics of the pandemic; rather, the epidemiological behavior has been determined by the methods of control used (home confinement, limitations on movement, etc.). In addition, the lack of knowledge about a new illness and of detailed information about its characteristic parameters rules out fine-tuning of models, be they simple or complex. Despite these limitations, another model approach does allow for predictions to be made: the empirical models. Empirical models are based on the analysis of temporal series of greater or lesser sophistication, ranging from classical demographic models to artificial intelligence-driven tools. In our case, as a research group we observe the principle of parsimony and search for the simplest model available. We opted to assess the goodness of the Gompertz model². This is a classical model in demographics, similar to the logistical model. In the Gompertz model, the specific rate of growth is reduced exponentially over time, which is what we would expect to take place as a result of the containment measures in place. We ascertained that the adjustments and forecasts were satisfactory for the study of the behaviors of this virus observed initially in China and then later in European countries.

We noted that the 5-day forecasts were of excellent quality, and that the middle-term forecasts were of use in predicting trends once the system approaches the maximum number of daily cases³. We determined that we could use the Gompertz model to predict not only the number of diagnosed cases, but also the number of patients hospitalized and the level of occupancy of intensive care units, as well as the number of deaths³. The possibility of making forecasts concerning hospital use is of paramount performance in the effort to manage resources.

máximo número de casos diarios³. Comprobamos que podemos utilizar el modelo de Gompertz para hacer previsión del número de casos diagnosticados, pero también del número de hospitalizados y de la ocupación de las unidades de cuidados intensivos, así como del número de defunciones³. La posibilidad de hacer previsiones a nivel hospitalario es verdaderamente importante para ayudar a la gestión de los recursos.

A pesar de tratarse de un modelo muy sencillo, permite comprender la dinámica observada; así, por ejemplo, constatamos que en muchos casos la velocidad de crecimiento aumentaba en un determinado momento. Estos casos los podíamos describir correctamente, e interpretar lo que estaba pasando, utilizando nuevas funciones Gompertz a partir del cambio de comportamiento. La necesidad de utilizar funciones de Gompertz consecutivas para poder ajustar correctamente la dinámica nos ayuda a mostrar y cuantificar la aparición de dinámicas de crecimiento sucesivas⁴.

$$R_0, R_t \text{ y } \rho$$

La pandemia también ha hecho tambalear algunos conceptos de EM. El *número reproductivo básico*, R_0 , es el número medio de personas que infectará una persona que se infecte al inicio de la pandemia. Es un número importante dado que en los modelos clásicos permite determinar qué porcentaje de personas se verán afectados por determinada epidemia antes de que ésta se inicie. El *número reproductivo efectivo*, R_t , es el número medio de personas que infecta una persona que está infectada en el tiempo t . Los dos números se pueden calcular utilizando las ecuaciones de modelos SIR o SEIR. Para la COVID-19 estos cálculos realmente no se podían hacer si se quería ser riguroso, ya que, como hemos comentado al inicio, la dinámica de la pandemia es gobernada por las políticas de control y por el comportamiento de la población. No tiene sentido hablar de un R_0 como una propiedad característica de determinada enfermedad en función del número de susceptibles. Por esta razón, se ha constatado la necesidad de calcular estas magnitudes con los datos de forma directa. En nuestro grupo, atendiendo a que una persona infectada tarda aproximadamente 5 días a ser infecciosa, definimos el *número reproductivo empírico*, ρ , como el cociente de los casos nuevos dividido por los casos nuevos de hace 5 días². Utilizamos estrategias numéricas para minimizar las oscilaciones aleatorias de esta magnitud, transformamos la serie de datos utilizando para cada día la media de siete días y para calcular la ρ utilizamos las medias de tres días. Otros grupos realizan cálculos similares por ejemplo dividiendo los casos durante una semana por los casos nuevos de la semana anterior.

Los números reproductivos son magnitudes adimensionales, pero son un buen indicador de la velocidad de propagación de la epidemia⁵.

Although the model may be a simple one, it makes the observed dynamics comprehensible. So, for example, we could see in many cases that the rate of growth increased at particular time points. We were able to correctly describe these cases and to interpret what was occurring using new Gompertz functions from the point at which behavior changed. The need to use consecutive Gompertz functions to be able to correctly adjust the dynamics helps us to show and to quantify the appearance of the successive growth dynamics⁴.

$$R_0, R_t \text{ and } \rho$$

The pandemic has also shaken up a number of concepts in ME. The basic reproduction number, R_0 , represents the average number of people that an individual will infect at the outset of the pandemic. It is an important number, given that classical models allow you to determine what percentage of people will be affected by an epidemic before it has begun. The effective reproduction number, R_t , represents the average number of people that an individual will infect in time period t . The two numbers may be calculated using the equations of SIR and SEIR models. For COVID-19 these calculations could not be made if one wished to be rigorous because, as we noted above, the dynamics of the pandemic are governed by containment policies and the behavior of the population. It makes no sense to speak of an R_0 as a characteristic property of a particular illness as a function of the number of susceptible individuals. For this reason, the need to calculate these quantities directly from the data became clear. In our group, based on the observation that it takes an infected person about five days to become an infectious one we define the empirical reproduction number, ρ , as the quotient of new cases divided by the number of new cases five days earlier². We use numerical strategies to minimize random oscillations of this measure, transforming the data series by using, for each day, the average number for seven days, and to calculate ρ we use the average of three days. Other groups do their calculations in a similar manner—for example, dividing the number of cases in a week by the number of new cases from the previous week.

The reproduction numbers are dimensionless measures, but they are a good indicator of the rate of propagation of the pandemic⁵.

How do we measure epidemiological risk?

An epidemiological situation is one of risk if the number of new cases increases very quickly, especially when the increase impedes follow-up of the chains of infection. The rate at which new cases appear depends in particular on the number of active cases—that is, those with the capacity to transmit the virus. On average, an infectious person can transmit the illness for two weeks, more or less. Therefore, an important number to consider in assessing the risk is how many people have been diagnosed in the preceding fourteen

¿Cómo medir el riesgo epidemiológico?

Una situación epidemiológica es de riesgo si el número de casos nuevos aumenta muy rápidamente, especialmente si este aumento hace difícil el seguimiento de las cadenas de contagios. La velocidad con que aparecen los casos nuevos depende especialmente del número de casos activos, es decir de aquellos con capacidad de transmitir el virus. En promedio, y de forma aproximada se puede considerar que una persona infecciosa puede transmitir la enfermedad durante dos semanas. Por lo tanto, un número importante para evaluar el riesgo es cuántas personas se han diagnosticado en los últimos 14 días (A_{14}). Si queremos comparar contextos con poblaciones diferentes necesitamos una magnitud relativa, normalmente se define IA_{14} como las personas que se han diagnosticado los últimos 14 días por 100000 habitantes. Hay que tener claro que la A_{14} no es el número total de personas infecciosas, dado que se diagnostica tan sólo una parte de ellas. En cualquier caso, IA_{14} es una buena magnitud para evaluar riesgo epidemiológico y permite comparar zonas geográficas con diferente tamaño.

La otra magnitud importante para evaluar el riesgo epidemiológico es la velocidad con que se propaga la epidemia, el *número reproductivo empírico* (ρ) evalúa correctamente esta magnitud. El producto de las dos magnitudes (IA_{14} , ρ) es, pues, un buen índice de riesgo.

Definimos como *índice de crecimiento potencial* (EPG) o *índice de riesgo epidemiológico* el producto de estas dos magnitudes²:

$$EPG = \rho \cdot IA_{14}$$

El diagrama de riesgo, donde representamos día a día, en el eje de ordenadas ρ y en el de abscisas IA_{14} ha demostrado ser una herramienta de mucho interés para poder comprender de forma rápida la evolución de la pandemia en determinado país o región. Cuanto mayor sean ρ y IA_{14} , más riesgo epidemiológico. Esto nos permitió definir unos colores para el fondo del diagrama en función del producto de las dos magnitudes (EPG): de verde a rojo en función de la complejidad de la situación, el color rojo corresponde a situaciones donde es muy difícil controlar la propagación sólo mediante estudios de contactos.

El análisis de datos para comprender y evaluar las acciones de control

En el marco del análisis de datos es muy importante poder hacer previsiones del comportamiento del sistema y evaluar las acciones de control, debemos poder cuantificar los efectos de

days (A_{14}). If we want to compare contexts with different populations we need a relative measure; IA_{14} is normally defined as the number of people who have been diagnosed in the preceding fourteen days per 100,000 inhabitants. We should be clear that A_{14} is not the total number of infectious people, given that only some of them will be diagnosed. At any rate, IA_{14} is a good measure for assessing the epidemiological risk and it allows for comparison among different geographical areas of differing sizes.

The other important measure in assessing epidemiological risk is the rate at which the epidemic propagates, which is correctly measured with the empirical reproduction number (ρ). The product of the two measures (IA_{14} , ρ) is, then, a good index of the risk.

The product of these two measures is called the effective potential growth (EPG) or epidemiological risk index²:

$$EPG = \rho \cdot IA_{14}$$

The risk diagram, in which daily changes are shown with ρ as the ordinate and IA_{14} as the abscissa, has been demonstrated to be a tool of great value for rapidly presenting and comprehending the evolution of the pandemic in a particular country or region. The greater ρ and IA_{14} are, the greater the epidemiological risk. This allows us to assign a number of colors to the background of the diagram as a function of the product of the two measures (EPG): from green to red with increasing complexity of the situation, with red representing situations in which it is difficult to control propagation merely through study of contacts.

Analysis of the data to comprehend and assess containment actions

In the framework of data analysis it is important to be able make predictions concerning the behavior of the system and to assess actions taken to control this behavior. We need to be able to quantify the effects of actions to be taken in order to determine whether or not they are appropriate.

The beginning of the school year is an enormous challenge in a pandemic. As a function of the incidence we have calculated how many school groups will need to be isolated if the incidence of the illness continues in a particular community, and we have been able to assess various scenarios in response to the degree of infection that we might encounter^{6,7}.

When the traceable chains of infection are broken, transmission runs out of control through the community. In this circumstance, one useful tool is community screening. This entails an enormous human effort and financial cost, so it is essential that the results be of value. Our group has analyzed the data from a number of community screening campaigns, but at present it is too soon to be able to make an objective assessment of them. Nevertheless, the preliminary results

las acciones que se realizan para poder determinar si son o no adecuadas.

El inicio del curso escolar es todo un reto en situación de pandemia. En función de la incidencia hemos calculado cuántos grupos escolares se verán confinados si se mantiene la incidencia en determinada ciudad, y hemos podido evaluar diferentes escenarios en función del grado de contagios que podemos encontrar^{6,7}.

Cuando las cadenas de contagios se pierden, la transmisión se extiende por la comunidad sin control. En esta situación, una de las herramientas útiles es la realización de cribajes comunitarios. Esto supone un enorme esfuerzo económico y humano, por lo tanto, es necesario que los resultados demuestren su interés. Desde el grupo analizamos los datos de diferentes campañas de cribajes comunitarios, probablemente en estos momentos aún no ha transcurrido suficiente tiempo para poder hacer una valoración objetiva. Aun así, los resultados preliminares son bastante positivos. Es adecuado utilizar esta estrategia cuando la incidencia es alta. Hay dos tipos de situación donde actuar, en una gran ciudad o en un barrio, y en una localidad pequeña o en una empresa grande o una escuela,... Tanto en un caso como otro los resultados preliminares dan buena nota a las campañas de cribajes comunitarios, en un barrio de una ciudad pueden servir primero para detener la expansión incontrolada de la pandemia y posteriormente para iniciar una mejora, aunque hay que tener muy claro que no son útiles sin un trabajo diario e intenso de diagnóstico y estudio de contactos posterior, tal como observamos en Terrassa, una ciudad catalana de más de 200.000 habitantes (8). En localidades pequeñas o en empresas los resultados de los test masivos pueden ser espectaculares, consiguiendo acabar con la transmisión, tal como hemos observado en Torregrossa una pequeña localidad de unos 2.200 habitantes donde el test masivo llevó a cero el número de casos⁸.

Trabajo de investigación de los próximos años

A pesar de las quejas, fundamentadas, de unos y otros sobre el acceso y la calidad de los datos, hemos de reconocer que desde el punto de vista científico estamos siendo unos privilegiados, estamos viviendo por primera vez una pandemia con abundante información desde su inicio. Las autoridades sanitarias y los grupos de investigación han compartido muchísima información prácticamente en el mismo momento que la disponían. Esto ha sido fundamental para la lucha contra la pandemia en todos los niveles, desde los métodos de diagnósticos hasta los tratamientos, desde los canales de contagio hasta la letalidad... Actualmente

appear promising. It is appropriate to use this strategy when the incidence level is high. There are two settings in which action must be taken: a large city, or one of its neighborhoods, or a smaller location, such as a village, a large company site, or a school. In both cases the preliminary results are favorable to community screening. In a city neighborhood it can serve to reign in uncontrolled expansion of the pandemic and then afterwards contribute towards improvement, although we must be clear that the method is of no use without daily, and intensive, diagnostic work and follow-up of contacts, as we saw in the case of Terrassa, a city in Catalonia with a population of 200,000⁸. In smaller localities or in companies the results of massive testing can be spectacular, shutting down transmission, as we saw in Torregrossa, a small town of 2,200 inhabitants where mass testing reduced the number of cases to zero⁸.

Investigative work in the coming years

Despite complaints based on access to and quality of data, we must admit that from a scientific point of view we are privileged in experiencing a pandemic from the outset that is replete with abundant information. The healthcare authorities and research groups have shared a great deal of information with each other from the instant in which it became available. This has been an essential element in the struggle against the pandemic at every level, from diagnostic methods to treatment, and from infection channels to study of the lethality of the illness. At present there is an enormous accumulation of data, inviting extensive analysis in the coming years.

The evolution of the pandemic in many European countries has to date moved through four phases: an initial phase with the odd imported case, a phase of large initial growth, a phase in which the incidence is maintained at a low level for weeks, and then a second phase of large growth. Reaching an understanding of this behavior in the four phases represents an enormous challenge. There is a need to develop new models, such as those based on agents, in order to be able to understand each of the phases, and it will also be necessary to take advantage of other data which to date have been insufficiently explored, such as analysis of waste water. An additional challenge from the mathematical perspective is understanding how outbreaks are propagated spatially, both in the behavior similar to diffusion at short distances and large-scale transport. We need to learn how the virus spreads between adjoining streets and neighborhoods, and also between one city and the next. We have seen how high incidence in a city such as L'Hospitalet can first be propagated in Barcelona, which adjoins it, and then later in more distant Sabadell and Terrassa. Still later we saw growth in yet more distant locations such as Mollet del Vallès and Granollers.

son accesibles una enorme cantidad de datos que requerirán un extenso análisis durante los próximos años.

La evolución de la pandemia en muchos países europeos hasta ahora ha tenido 4 fases: una inicial donde probablemente había sólo algunos casos de importación, el gran crecimiento inicial, una etapa donde se logró que la incidencia fuera baja durante unas semanas y un segundo gran crecimiento. Entender el comportamiento del sistema en estas cuatro fases es todo un reto. Será necesario desarrollar nuevos modelos, como modelos basados en agentes, para poder entender cada una de estas etapas, y habrá que aprovechar otros datos que hasta ahora no han sido demasiado explotadas como los análisis de las aguas residuales. Otro reto de interés desde el punto de vista matemático es entender cómo se propagan los brotes en el espacio. Un comportamiento con semejanzas con la difusión a distancias pequeñas junto con transporte a gran escala. Debemos estudiar cómo se ha producido la difusión entre calles y barrios cercanos, o el transporte entre ciudades. Hemos observado como una alta incidencia en una ciudad como puede ser L'Hospitalet se propaga primero en Barcelona y posteriormente a ciudades más lejanas como Sabadell y Terrassa, y como más tarde observamos el crecimiento en ciudades aún más lejanas como Mollet del Vallés o Granollers.

Disponemos de datos de movilidad obtenidas por telefonía móvil. En resultados previos hemos podido constatar la existencia de importantes relaciones entre movilidad y velocidad de crecimiento de la pandemia⁹.

Y estos temas que hemos apuntando son tan sólo la punta del iceberg de todo el trabajo que quedará por hacer en EM para entender la pandemia que seguiremos viviendo por mucho tiempo.

Agradecimientos

El trabajo descrito en esta editorial ha sido realizado por el equipo de investigación BIOCOT-SC. Sin Martí Català, Enric Àlvarez y Sergio Alonso nada habría sido posible. El trabajo realizado ha recibido soporte del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades and FEDER PGC2018-095456-B-I00.

We have data on mobility obtained via mobile telephones. In earlier results we noted the existence of significant relations between mobility and the rate of growth of the pandemic (9).

The topics we have touched upon here are merely the tip of the iceberg of the work that needs to be carried out in ME in order to achieve a better understanding of the pandemic that we will be living with for some time to come.

Acknowledgements

The study described here was carried out by the BIOCOT-SC research team. Without Martí Català, Enric Àlvarez, and Sergio Alonso none of this would have been possible. The work carried out received support from the Ministry of Science, Innovation, and Universities, and from FEDER PGC2018-095456-B-I00.

Bibliografía / Bibliography

1. Frauer B, 2017. Mathematical epidemiology: Past, present, and future. *Infectious Disease Modelling* 2(2), 113-127. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.idm.2017.02.001>
2. Català M, Alonso S, Álvarez E, Cardona PJ, López D, Prats C, 2020. Uso de modelos para el análisis y la predicción de la dinámica epidemiológica. *Enfermedades Emergentes* 19(2), 124-126.
3. Català M, Alonso S, Álvarez E, López D, Cardona PJ, Prats C, 2020. Empiric model for short-time prediction of COVID-19 spreading. *Plos Computational Biology*, en prensa. Disponible en: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.05.13.20101329v1.full.pdf>
4. Català M, Cardona PJ, Prats C, Alonso S, Álvarez E, Marchena M, Conesa D, López D, 2020. Successive outbreaks. Iran as a case study. In: *Analysis and prediction of COVID-19 for different regions and countries*, report 97, 5-9. Disponible en: <https://upcommons.upc.edu/handle/2117/192422>
5. Català M, Cardona PJ, Prats C, Alonso S, Álvarez E, Marchena M, Conesa D, López D, 2020. Different measurements of epidemics speed propagation. On the meaning of a basic reproductive number in a non-disperse epidemics. In: *Analysis and prediction of COVID-19 for different regions and countries*, report 102, 5-7. Disponible en: <https://upcommons.upc.edu/handle/2117/193037>
6. Català M, Cardona PJ, Prats C, Alonso S, Álvarez E, Marchena M, Conesa D, López D, 2020. Re-opening schools in times of pandemics (II). Effects of the ratio of students per classroom in schools vs probability of contagion inside the school. In: *Analysis and prediction of COVID-19 for different regions and countries*, report 126, 6-9. Disponible en: <https://upcommons.upc.edu/handle/2117/328695>
7. Català M, Cardona PJ, Prats C, Alonso S, Álvarez E, Marchena M, Conesa D, López D, 2020. Re-opening schools in times of pandemics (I). Schools as a reflection of the community. In: *Analysis and prediction of COVID-19 for different regions and countries*, report 125, 5-9. Disponible en: <https://upcommons.upc.edu/handle/2117/328694>
8. Català M, Cardona PJ, Prats C, Alonso S, Álvarez E, Marchena M, Conesa D, López D, 2020. Evaluation of the effects of mass PCR screening campaigns. In: *Analysis and prediction of COVID-19 for different regions and countries*, report 124, 5-8. Disponible en: https://biocomsc.upc.edu/en/shared/20200904_report_124.pdf
9. Català M, Cardona PJ, Prats C, Alonso S, Álvarez E, Marchena M, Conesa D, López D, 2020. Mobility: the key parameter during COVID-19 expansion. In: *Analysis and prediction of COVID-19 for different regions and countries*, report 48, 6-7. Disponible en: <https://upcommons.upc.edu/handle/2117/186011>