

Epidemiología con Redes de Petri

Fidel Angel García* y Carlos Segovia†

Enero 2022

Abstract

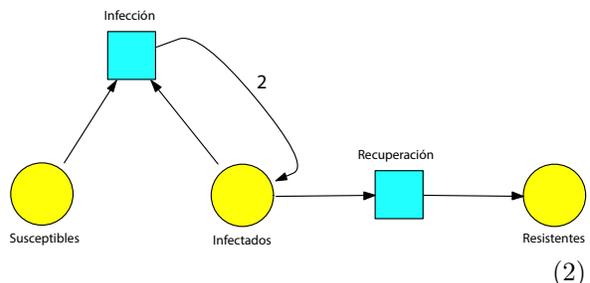
A continuación explicamos como las redes de Petri sirven para explicar modelos en epidemiología como el modelo SIR, SEIR, SEAIR, entre otros. Nos enfocamos en como una red de Petri junto con una función de radio, definen de manera única ecuaciones diferenciales ordinarias. Es de gran importancia preguntarse el problema inverso: al tener un sistema de ecuaciones diferenciales como podemos modelarlo mediante redes de Petri. Finalmente, daremos aplicaciones de la teoría utilizando las paqueterías de SNOOPY y Wolfram. Predicciones de la cuarta ola del COVID-19 se harán mediante el modelo SIR para México.

1 Introducción

William O. Kermack fue un bioquímico escocés que a sus 26 años sufrió un accidente en su laboratorio que lo dejó ciego para el resto de su vida. Esto no le impidió desarrollar una brillante carrera científica. Anderson G. McKendrick fue un médico militar escocés. Su actividad como epidemiológico comenzó en la india. Aunque su formación matemática era bastante primaria, estuvo dotado de una aguda intuición que le permitió idear distintos modelos. Kermack-McKendrick [KM27] desarrollaron un modelo que aun en la actualidad es el principio a seguir en un fenómeno de una pandemia. A esta estructura la conocemos como el **modelo SIR** por los compartimentos *Susceptibles*, *Infectados* y *Resistentes*. Este modelo asume una población constante la cual va cambiando de manera local en cada compartimento mediante el sistema de ecuaciones diferenciales

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta SI, \\ I'(t) &= \beta SI - \alpha I, \\ R'(t) &= \alpha I. \end{aligned} \quad (1)$$

Carl Adam Petri fue un matemático dedicado a la computación teórica que es famoso por ser el pionero en el desarrollo de representaciones gráficas de sistemas dinámicos discretos actualmente conocidas como **Redes de Petri**. Una red de Petri se define como un conjunto de especies o lugares junto con un conjunto de transiciones y unas reglas de asignación de flechas. Para ilustrar un ejemplo tomemos la red de Petri asociada al modelo SIR



Tenemos cada compartimento asignado a los círculos amarillos mientras que las transiciones son representadas por los cuadrados azules. En cada compartimento colocamos fichas (tokens en inglés)

*FES Zaragoza-UNAM: angelgarcia0066@gmail.com

†Instituto de Matemáticas UNAM-Oaxaca: csegovia@matem.uanm.mx

las cuales se moverán mediante reglas determinadas por las flechas. Una regla importante en las redes de Petri es que una transición se efectuará siempre y cuando exista al menos una ficha en cada uno de los lugares anteriores a la transición.

Una de las ideas revolucionarias de Adam Petri fue su tratamiento de la localidad del tiempo en su diseño de red de Petri, en la era de la relatividad general de Einstein.

Una red de Petri junto con una asignación de radios en cada transición, define de manera única ecuaciones diferenciales ordinarios (ODE en inglés). Veremos más adelante en la Sección 3.1 como se define estas ecuaciones diferenciales ordinarias. Es muy interesante en esta dirección la pregunta inversa: para un sistema de ecuaciones diferenciales existe un modelo mediante redes de Petri que simula

el sistema? Dicho problema lo llamamos el problema inverso en ODE mediante redes de Petri, lo cual hablamos un poco para epidemiología en la Sección 4.

Este artículo se organiza como sigue: en la Sección 3 se resumen la matemática detrás del modelo SIR donde se explica como se obtienen los parámetros y los dos puntos de equilibrio para el modelo SIS. Posteriormente en la Sección 3 explicamos brevemente lo que es una red de Petri luego analizamos la ecuación de radio que produce ecuaciones diferenciales ordinarias. En la Sección 4 nos enfocaremos en el problema inverso de ODE mediante redes de Petri. Finalmente, en la Sección 5 daremos las aplicaciones mediante las paqueterías SNOOPY y Wolfram de los modelos SIR para el COVID-19.

El presente trabajo es parte del proyecto “Redes de Petri” en la Séptima Escuela Oaxaqueña de Matemáticas Virtual. El segundo autor está apoyado por Investigadores por México y Proyecto CONACYT ciencias básicas 2016, No. 284621.

2 Modelo SIR

Kermack-McKendrick [KM27] introdujeron el modelo matemático dado en (12). Los compartimentos los podemos entender como sigue:

- i) S es la clase de individuos que están sanos pero que pueden contraer la enfermedad.
- ii) I es la clase de individuos quienes han contraído la enfermedad y están enfermos. De entre ellos, se tienen aquellos que pueden infectar (infecciosos).
- iii) R es la clase de individuos quienes se han recuperado y no pueden contraer la enfermedad.

Notaremos por N a la totalidad de la población. Tendremos las siguientes hipótesis:

- i) El nacimiento y la muerte se omitirán en este modelo.
- ii) El número de infectados es igual al número de individuos infecciosos (que pueden infectar).

- iii) La población es constante, es decir si t es el parámetro que denota el tiempo entonces tendremos

$$N = S(t) + I(t) + R(t). \quad (3)$$

La explicación matemática del modelo SIR comienza con el concepto de la *incidencia* dado por el número de individuos que se infectan por unidad de tiempo. Supongamos que cN es el número de contactos que un individuo hace por unidad de tiempo y S/N es la probabilidad de que uno de esos contactos sea con un individuo susceptible. Esto significa que cS es el número de contactos con individuos susceptibles que un individuo hace por unidad de tiempo. Ahora suponemos que el individuo es infectado. Notaremos por p a la probabilidad que un contacto entre un individuo infectado y un individuo susceptible resulte en transmisión. Entonces pcS es el número de individuos que se infectan por unidad de tiempo y por infectado. Denotaremos por $\beta = pc$ el cual se llama *radio de*

transmisión. Concluimos, que

$$S'(t) = -\text{incidencia} = -\beta SI, \quad (4)$$

que lo podemos entender como el número de individuos que se infectan por unidad de tiempo.

En el caso del compartimento de recuperados supondremos que el comportamiento es proporcional a los infectados. Por lo tanto, tendremos

$$R'(t) = \alpha I. \quad (5)$$

El parámetro α se llama el *radio de recuperación*. Para el compartimento que resta tendremos que el número de infectados por unidad de tiempo estará dado por la resta

$$I'(t) = \beta SI - \alpha I. \quad (6)$$

Entre las propiedades matemáticas del modelo tenemos que $S(t)$ es una función decreciente con $S(t) \geq 0$, por lo que $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ existe y lo notaremos por S_∞ . De igual forma tenemos que $R(t)$ es una función creciente con cota superior $R(t) \leq N$, por lo que $\lim_{t \rightarrow \infty} R(t)$ existe y lo notaremos por R_∞ . Finalmente, apliquemos la integral a la primera ecuación de (12). Luego obtenemos

$$\begin{aligned} \int_0^\infty S'(t) dt &= -\beta \int_0^\infty S(t)I(t) dt, \\ S_\infty - S_0 &= -\beta \int_0^\infty S(t)I(t) dt. \end{aligned}$$

Entonces tendremos

$$S_0 - S_\infty \geq \beta S_\infty \int_0^\infty I(t) dt. \quad (7)$$

Lo cual implica que $I(t)$ es integrable en $[0, \infty)$. Entonces $I_\infty := \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$.

Esto implica que en el modelo SIR la enfermedad gradualmente desaparece en la población. En la Sección 2.2 veremos que tenemos dos puntos de equilibrio para el modelo SIS en donde hay una conexión del compartimento de infectados al de susceptibles.

2.1 Los coeficientes α y β

Lo más importante de los modelos de epidemiología es encontrar una forma de determinar los coeficientes.

Para determinar el parámetro α consideramos que la clase de los infectados no participa en tiempo cero. Es decir que la incidencia en tiempo cero es nula. Por lo que tendremos que $I'(t) = -\alpha I$ con condición inicial $I(0) = I_0$. Entonces tendremos $I(t)/I_0 = e^{-\alpha t}$ que lo interpretamos como la proporción de personas que están infectadas en tiempo t . Entonces $F(t) = 1 - e^{-\alpha t}$ es la probabilidad de recuperarse o dejar la clase de infectados en el intervalo $[0, t)$. La función de densidad está dada por

$$f(t) = \alpha e^{-\alpha t}. \quad (8)$$

Si tomamos la esperanza

$$E[X] = \int_{-\infty}^{\infty} t f(t) dt = \frac{1}{\alpha}. \quad (9)$$

lo cual se entiende como el tiempo medio que alguien permanece en la clase de infectados o el tiempo de recuperación.

Para el radio de transmisión β supondremos que $S \approx N$ y recordemos que βS era el número de individuos que se infectan por unidad de tiempo y por individuo infectado. Entonces

$$R_0 := \beta N / \alpha \quad (10)$$

es el número de infectados por un individuo infectado. Al parámetro R_0 se le conoce como el **número básico de reproducción**.

Otra forma de calcular β es suponiendo de nuevo que $S \approx N$. Entonces se tendrá $I'(t) \approx I(\beta N - \alpha)$. Notaremos por $m = \beta N - \alpha$, por lo tanto $I(t) = I_0 e^{mt}$ y concluimos

$$\ln I = mt + \ln I_0. \quad (11)$$

Esto lo entendemos como aplicar logaritmo a los casos activos dado por el compartimento de infectados.

2.2 Puntos de equilibrio

Recordemos que vimos que para el modelo SIR que sólo hay un punto de equilibrio en donde la enfermedad gradualmente desaparece en la población, i.e., $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$. Sin embargo considere el caso donde la enfermedad nunca se termina y el fenómeno se repite de manera endémica, i.e., $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) > 0$. Para esto introducimos una

variación al modelo donde el compartimento de recuperados no lo tomamos en cuenta y añadimos que los infectados se vuelven con el tiempo en susceptibles. Esto se conoce como el modelo SIS que tiene la siguiente ODE

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta SI + \alpha I, \\ I'(t) &= \beta SI - \alpha I. \end{aligned} \quad (12)$$

De igual forma se asume que la población es constante $N = S(t) + I(t)$. Se tiene una ecuación logística tomando $r = \beta N - \alpha$ y $K = (\beta N - \alpha)/\beta$, dada por

$$I'(t) = rI \left(1 - \frac{I}{K} \right). \quad (13)$$

Si pasara que $r < 0$, luego $I'(t) \leq rI(t)$ pues $1 - I/K \geq 1$. En la igualdad tendremos $I(t) =$

$I(0)e^{rt}$ acotando otro posible caso, por lo tanto $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$. Ahora supongamos que $r > 0$. En este caso supondremos que $I(t) \neq K$. Utilizando separación de variables obtenemos la solución

$$I(t) = \frac{KB e^{rt}}{1 + B e^{rt}}, \quad (14)$$

con $B = I(0)/(K - I(0))$. Por lo tanto tendremos la situación $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = K$.

Recordemos que $R_0 = \beta N/\alpha$ y $r = \beta N - \alpha$. En consecuencia, para el modelo SIS tendremos que si $R_0 < 1$ el número de infectados gradualmente se hace cero, mientras en el caso de $R_0 > 1$ se tendrá que la pandemia se volverá endémica.

3 Redes de Petri

El concepto de una red de Petri fue introducido por Carl Adam Petri en su disertación doctoral [Pe62]. En pocas palabras las entendemos como máquinas discretas donde el tiempo se maneja de manera *local*. Una red de Petri consiste de un conjunto S de especies o lugares y un conjunto T de transiciones, junto con una funciones

$$i : S \times T \rightarrow \mathbb{N} \text{ y } o : S \times T \rightarrow \mathbb{N}, \quad (15)$$

las cuales nos dice el número de veces que un lugar es entrada o salida de una transición.

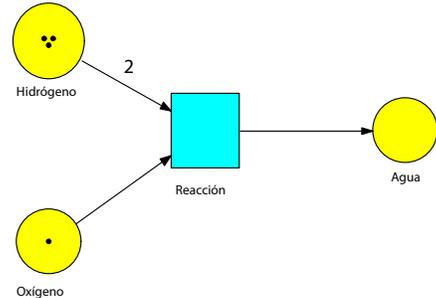
Ejemplo 1. El modelo SIR de la sección 2, se puede entender como una red de Petri con tres lugares {Susceptibles, Infectados, Resistentes} y dos transiciones dadas por {Infectarse, Recuperarse}. Gráficamente la red de Petri la ilustramos en (2). En dicha representación los círculos los entenderemos como los lugares mientras que las transiciones se representan por cuadrados. Las funciones i y o están dadas por contar cuantas veces cada lugar esta como entrada o salida en cada transición.

Adicionalmente, una red de Petri tiene una función

$$t : S \rightarrow \mathbb{N}, \quad (16)$$

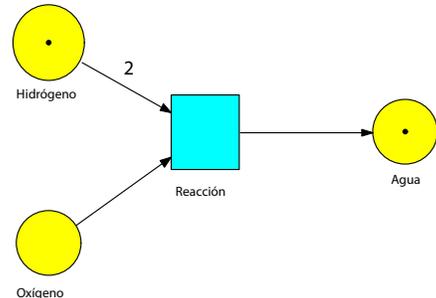
la cual a cada lugar o especie le asigna el número de fichas (tokens en ingles). Esta asignación la podemos ver como el número de individuos que tenemos en cada compartimento.

Ejemplo 2. El modelo de formación de agua lo podemos entender como una red de Petri con tres lugares {Hidrógeno, Oxígeno, Agua} y una transición {Reacción}. Si tomamos tres hidrógenos y un oxígeno



(17)

al cabo de una tirada obtendremos un cambio en la red de Petri como sigue



(18)

Notemos que ya no podremos seguir puesto que las entradas de la red de Petri no todas tienen al menos una ficha.

3.1 La ecuación de cambio

Una red de Petri puede estar dotada de una función de cambio

$$r : T \rightarrow (0, \infty), \quad (19)$$

la cual asigna a cada transición un radio que nos indicará el tiempo que se tarda al pasar por dicha transición. En el caso de redes de Petri estocásticas [Ba19], si el radio para una transición es λ , el tiempo de espera en cada transición tendrá una función de densidad $\lambda e^{-\lambda x}$ con esperanza $1/\lambda$. Cadenas de Markov se aplican en esta situación sin embargo para nuestro interés nos avocaremos a redes de Petri con tiempo continuo.

Redes de Petri con tiempo continuo dependen de ecuaciones diferenciales ordinarios (ODE en inglés) que nos permiten saber las velocidades de cambio para cada compartimento. El ODE está determinado completamente por las funciones i y o de (15) y la función r de (19).

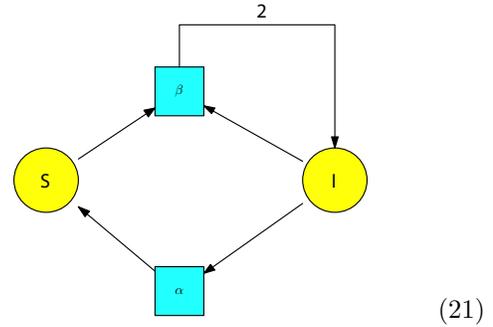
Tomaremos el enfoque dado por Baez [Ba19]. Sea $x_i \in S = \{x_1, \dots, x_k\}$ un lugar o especie, estamos interesados en calcular dx_i/dt . Dicha ecuación está dada por sumar en todas las transiciones. Describiremos el sumando asociado a una transición $y \in T$. Denotemos por $n_i(y) = o(x_i, y)$ y $m_i(y) = i(x_i, y)$. Entonces,

$$\frac{dx_i}{dt} = \sum_{y \in T} r(y) (n_i(y) - m_i(y)) x_1^{m_1(y)} \dots x_k^{m_k(y)}. \quad (20)$$

Ejemplo 3. Podemos tomar el modelo SIR donde denotemos los lugares por $\{S, I, R\}$ y las transiciones por $\{\mathcal{I}, \mathcal{R}\}$. Entonces asignamos $\alpha = r(\mathcal{R})$ y

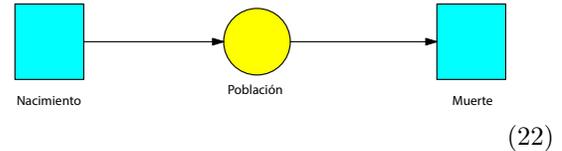
$\beta = r(\mathcal{I})$. Las ecuaciones diferenciales de cambio serán el famoso modelo de Kermack-McKendrick de la sección 2 dado por $S'(t) = -\beta SI$, $I'(t) = \beta SI - \alpha I$ y $R'(t) = \alpha I$.

Ejemplo 4. El modelo SIS mencionado en la Sección 2 para los dos estados de equilibrio tiene la siguiente red de Petri asociada



Notemos que la ODE asociada es $S'(t) = -\beta SI + \alpha I$ y $I'(t) = \beta SI - \alpha I$.

Ejemplo 5. Tomaremos el modelo Malthusiano de demografía dado por la siguiente red de Petri



Para la ecuación diferencial ordinaria tomaremos los siguientes radios $r(\text{nacimiento}) = \Lambda$ y $r(\text{muerte}) = \mu$. Entonces si denotamos a N al número de individuos de la población, obtendremos el siguiente modelo

$$N'(t) = \Lambda - \mu N. \quad (23)$$

Dicho modelo es conocido como el modelo logístico simplificado [Ma15].

4 Problema inverso en Redes de Petri (epidemiología)

En esta sección tomaremos construcciones básicas para modelos epidemiológicos considerando sus ODE y construiremos la red de Petri asociada. Las ODE en esta sección fueron tomadas del libro de Martcheva [Ma15].

La pregunta de encontrar la red de Petri aso-

ciada a una ODE es de índole matemática muy interesante. Hasta el momento los autores no conocen un lugar donde se haya realizado una respuesta de manera formal y las generalizaciones a sistemas de ecuaciones diferenciales de mayor complejidad.

4.1 Expuestos/Estado latente

Por muchas razones el individuo no llega a ser inmediatamente infeccioso como en el modelo SIR. El agente patógeno necesita tiempo en replicarse y establecerse. El tiempo durante el cual un individuo infectado llega a ser infeccioso se llama el tiempo latente. Los individuos en este estado producen otro compartimento que lo denotaremos por E . El mod-

elo SIR tomando este nuevo compartimento se le conoce como el **modelo SEIR** con ODE dadas por

$$\begin{aligned} S'(t) &= \Lambda - \beta SI - \mu S, \\ E'(t) &= \beta SI - (\eta + \mu)E, \\ I'(t) &= \eta E - (\alpha + \mu)I, \\ R'(t) &= \alpha I - \mu R. \end{aligned} \quad (24)$$

La red de Petri asociada al modelo SEIR la ejemplificamos en la figura 1.

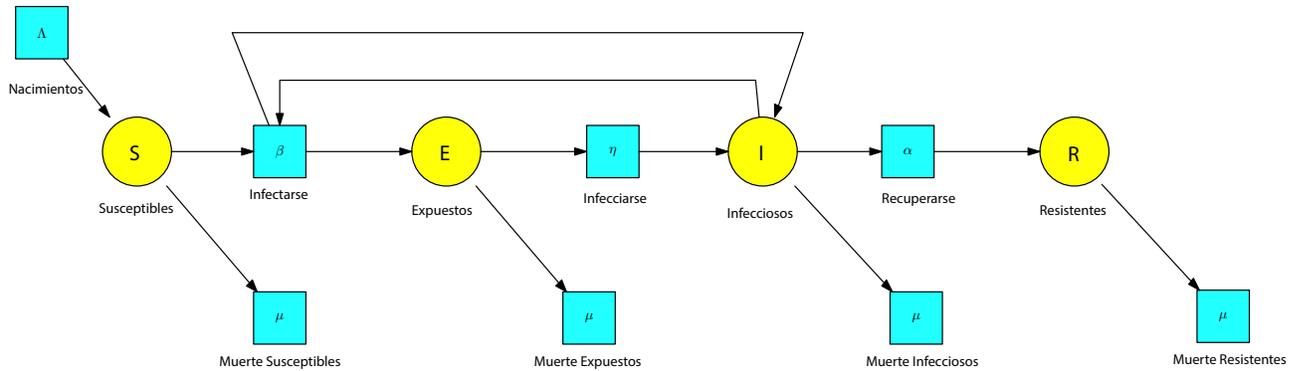


Figure 1: Red de Petri asociada al modelo SEIR.

4.2 Estado asintomático

Un compartimento de individuos asintomáticos se incluye. Una infección asintomática es aquella que no se tendrá síntomas y son muy difíciles de detectar. Sin embargo individuos asintomáticos son infecciosos y contribuyen a la distribución de una enfermedad. El compartimento de asintomáticos se incluye como una alternativa al compartimento de infecciosos. Tendremos un nuevo tipo de argumento en la red de Petri porque de la transición de infección saldrán dos flechas una con probabilidad p a infecciosos y $(1 - p)$ a asintomáticos. Tenemos el

modelo SEAIR con el ODE dado de la siguiente forma

$$\begin{aligned} S'(t) &= \Lambda - \beta S(I + qA) - \mu S, \\ E'(t) &= \beta S(I + qA) - (\eta + \mu)E, \\ I'(t) &= p\eta E - (\alpha + \mu)I, \\ R'(t) &= \alpha I + \gamma - \mu R. \end{aligned} \quad (25)$$

Modificaciones del modelo implican la comunicación entre la transición de infección con los compartimentos de infecciosos y asintomáticos. En la Figura 2 podemos ver la red de Petri asociada al modelo SEAIR.

4.3 Estado portador

Esto ocurre cuando tenemos individuos los cuales están sanos pero albergan y transmiten la enfermedad. Los portadores no muestran síntomas o signos de infección, pero ellos mediante su cuerpo (nariz, garganta, etc) llevan con sigilo al microor-

ganismo que produce la enfermedad. Tomaremos un **modelo SIRS** en donde del compartimento de resistentes los pasamos al compartimento de susceptibles. Agregando el estado de portadores el cual lo denotaremos por C obtenemos el siguiente ODE de

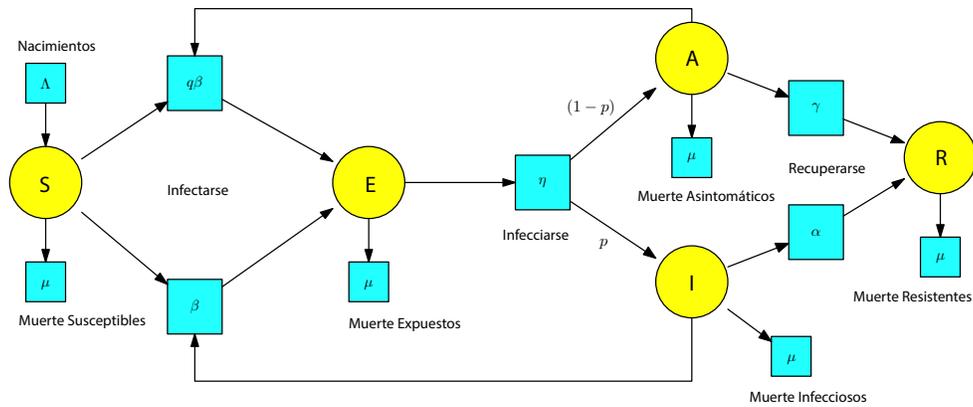


Figure 2: Red de Petri asociada al modelo SEAIR.

la forma

$$\begin{aligned}
 S'(t) &= \Lambda - \beta S(I + qC) - \mu S + \rho R, \\
 C'(t) &= \beta S(I + qC) - (\eta + \gamma + \mu)C, \\
 I'(t) &= \eta C - (\alpha + \mu)I, \\
 R'(t) &= \alpha I + \gamma C - (\mu + \rho)R.
 \end{aligned}
 \tag{26}$$

Tendremos el **modelo SCIRS**. La red de Petri asociada la podemos encontrar en la Figura 3.

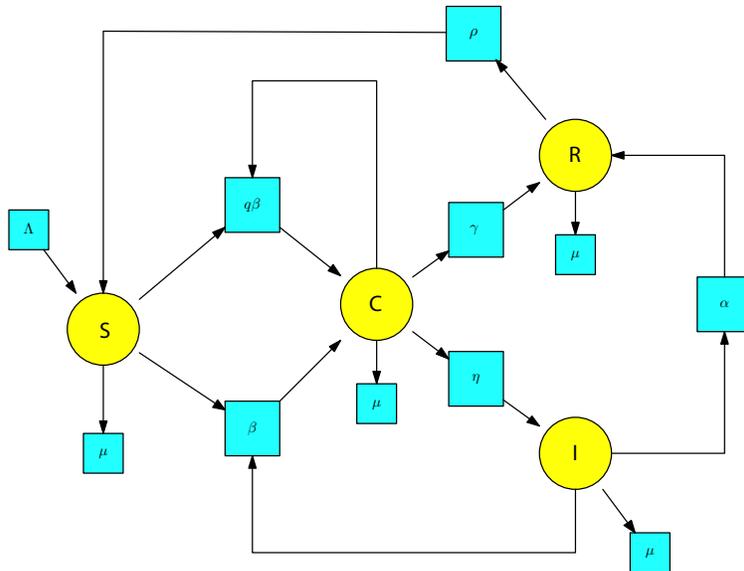


Figure 3: Red de Petri asociada al modelo SCIRS.

4.4 Cuarentena/Aislamiento

En este estado se toma un compartimento en donde tenemos individuos que están aislados de la

población susceptible. Dichos individuos en cuarentena han tenido contacto con individuos infectados. La ODE asociada a este modelo tiene la siguiente forma básica

$$\begin{aligned}
 S'(t) &= \Lambda - \beta SI - \mu S, \\
 I'(t) &= \beta SI - (\alpha + \gamma + \mu)I \\
 Q'(t) &= \gamma I - (\eta + \mu)Q, \\
 R'(t) &= \alpha I + \eta Q - \mu R.
 \end{aligned}
 \tag{27}$$

Tenemos el **modelo SIQR** el cual puede cambiar debido a la situación y al agregar diferentes compartimentos. En la Figura 4 representamos el modelo SIQR.

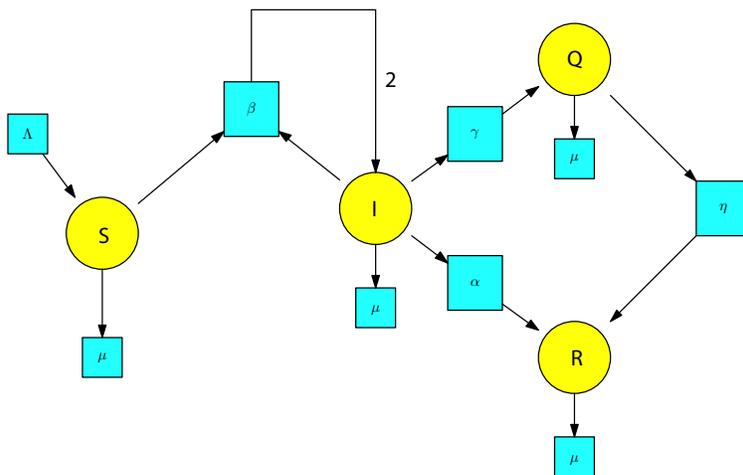


Figure 4: Red de Petri asociada al modelo SIQR.

5 Aplicaciones

Utilizaremos la paquetería SNOOPY [Sn12] la cual para redes de Petri estocásticas utiliza caminatas aleatorias mediante el algoritmo [Gil76], para redes de Petri continuas se resuelve el ODE.

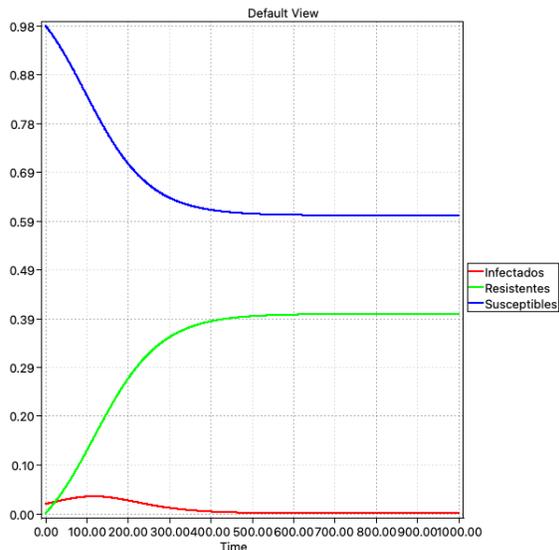
Daremos el análisis de dos modelos SIR con datos verídicos para el COVID-19 en Algeria [LB20]. Posteriormente utilizaremos dichos modelos para dar predicciones del COVID-19 en México a principios del 2022.

5.1 Modelo SIR para el COVID-19 en Algeria

Algeria es un país del norte de África con una población en el 2020 de 43,851,044. Se estudia en [LB20] mediante el modelo SIR en el periodo desde Marzo 2020. Se estima un porcentaje de infecta-

dos del 1.91 % con número básico de reproducción $R_0 = 1.23$ y tiempo de recuperación de 22 días, i.e. $\alpha = 1/22$. Utilizando SNOOPY [Sn12] hacemos

una simulación de los tres compartimentos

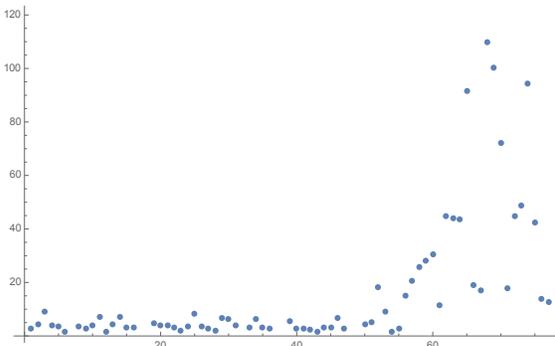


Tenemos un pronostico del punto mas alto de la pandemia seria el 12 de agosto 2020 y que al final de la infección quedara susceptible el 35.23 por ciento de la población. Comparando con los datos reales, nos percatamos de un sesgo en los resultados, siendo el 25 de noviembre 2020 el día en el que se alcanza el numero máximo de contagios. Con esta información podemos deducir que el modelo SIR es una buena herramienta para saber el avance de una enfermedad en sus inicios, pero no es muy confiable en el avance de la epidemia

5.2 Modelo SIR para el COVID-19 en México

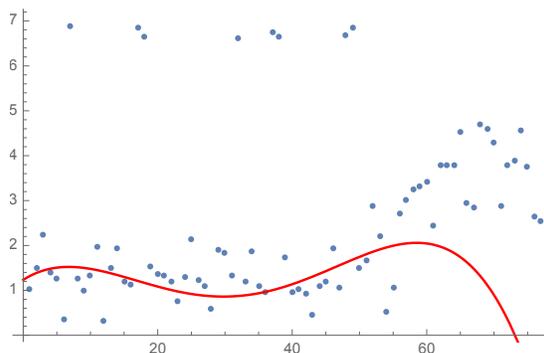
Ahora hacemos un estudio usando el modelo SIR para México utilizando los datos de nuevos infectados diarios que ha habido por 77 días a partir del 25 de Octubre del 2021. En este momento México se encuentra en la cuarta ola. Utilizaremos la paquetería Mathematica [Wo21] para mostrar las gráficas e utilizamos aproximaciones con LinearModelFit hasta x^5 para obtener el máximo para el número básico reproductivo R_0 . Dichos datos tienen la siguiente

distribución gráfica



(28)

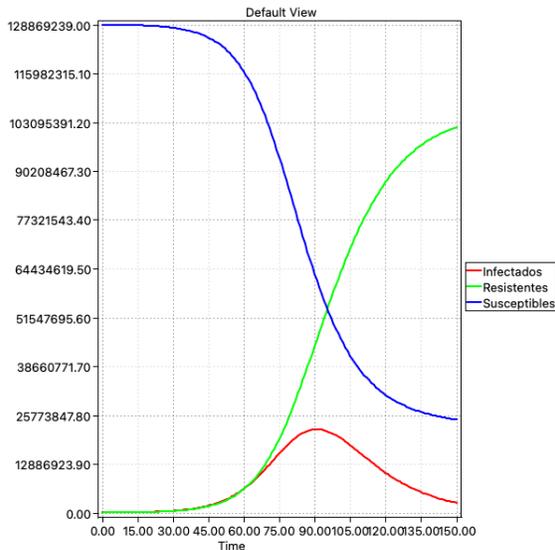
Utilizamos la ecuación (11) para encontrar el número básico de reproducción R_0 . Tomamos el tiempo de recuperación de 12 días y obtenemos la siguiente gráfica comparada con el logaritmo de I



(29)

Tenemos que el máximo se alcanza aproximadamente el 8 de Enero del 2022 con $R_0 = 2.1$. Si revisamos los datos de infección en dicho día obtenemos que tenemos 30671 casos y tomando una población para México de 18.9 millones conseguimos la siguiente gráfica para los compartimen-

tos S, I y R

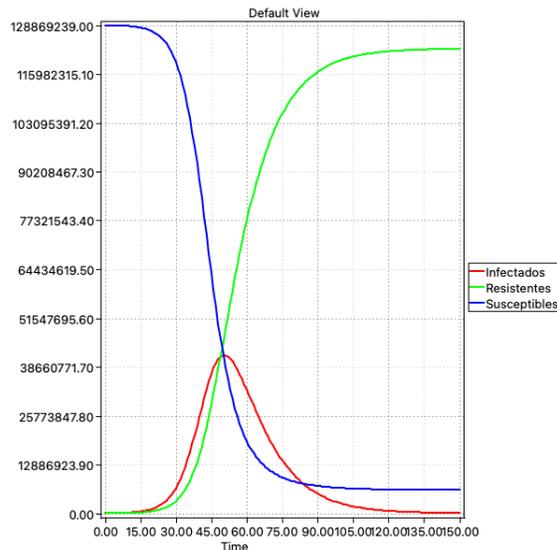


(30)

Notamos una duración de la pandemia (cuarta ola) de aproximadamente 5 meses, es decir acabando a principios de junio y el pico de contagios es aproximadamente 3 meses después.

Sin embargo, consideraremos que los datos de nuevos infectados no son muy fidedignos y buscando

encontramos que el número básico de reproducción de Omicron (la nueva variante) es de 3.19. Con este dato tenemos la siguiente gráfica



(31)

Notamos una duración de la pandemia (cuarta ola) de 3 meses, es decir acabando a principios de abril y el pico de contagios a los 50 días a finales de febrero.

References

- [Ba19] John C. Baez and Jacob Biamonte, *Quantum Techniques for Stochastic Mechanics*. (2019) arXiv:1209.3632.
- [Gil76] Daniel T Gillespie, *A General Method for Numerically Simulating the Stochastic Time Evolution of Couple Chemical Species*. *J. of Computational Physics*, 22:403-434, 1976.
- [KM27] W.O. Kermack and A.G. McKendrick, *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. *Proc. of the Royal Society of London* 115 (772): 700-721 (1927).
- [LB20] Mohamed Lounis and Dilip Kumar Bagal, *Estimation of SIR model's parameters of COVID-19 in Algeria*. *Bull Natl Res Cent*. 2020; 44(1): 180.
- [Ma15] Maia Martcheva, *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Texts in Applied Mathematics, 61. Springer, New York, 2015.
- [Pe62] C. A. Petri, *Kommunikation mit Automaten*, PhD thesis, Bonn (1962).
- [SB21] D. Saika and K. Bora, *COVID-19 outbreak in India: an SEIR model-based analysis*, *Nonlinear Dyn* (2021) 104: 4727-4751.
- [Sn12] M Heiner, M Herajy, F Liu, C Rohr and M Schwarick, *Snoopy – a unifying Petri net tool*. In *Proc. PETRI NETS 2012*, Hamburg, Springer, LNCS, volume 7347, pp. 398–407, June 2012.

[Wo21] Wolfram Research, Inc. (www.wolfram.com), Mathematica Online, Champaign, IL (2021).